



TESIS- SM 142501

## **ANALISA MODEL EPIDEMIK DUA WILAYAH DUA LINTASAN**

NURLITA WULANSARI  
1214201035

Dosen Pembimbing  
Dr. Hariyanto, M.Si.  
Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.

PROGRAM MAGISTER  
JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2016



THESIS- SM 142501

# **ANALYSIS OF TWO-REGIONS TWO-PATCHES EPIDEMIC MODEL**

NURLITA WULANSARI  
1214201035

Supervisor  
Dr. Hariyanto, M.Si.  
Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.

MASTER'S DEGREE  
MATHEMATICS DEPARTMENT  
FACULTY OF MATHEMATICS AND NATURAL SCIENCES  
SEPULUH NOPEMBER INSTITUTE OF TECHNOLOGY  
SURABAYA  
2016



# ANALISA MODEL EPIDEMIK DUA WILAYAH DUA LINTASAN

Tesis disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar  
Magister Sains (M.Si.)

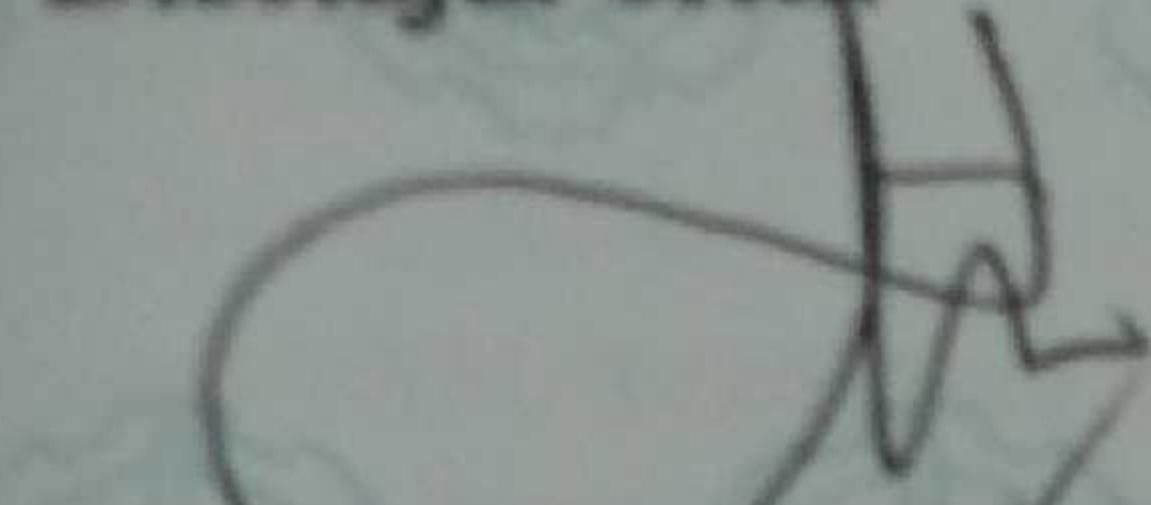
di  
Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

oleh:

**NURLITA WULANSARI**  
NRP. 1214 201 035

Tanggal Ujian : 23 Mei 2016  
Periode Wisuda : September 2016

Disetujui oleh:



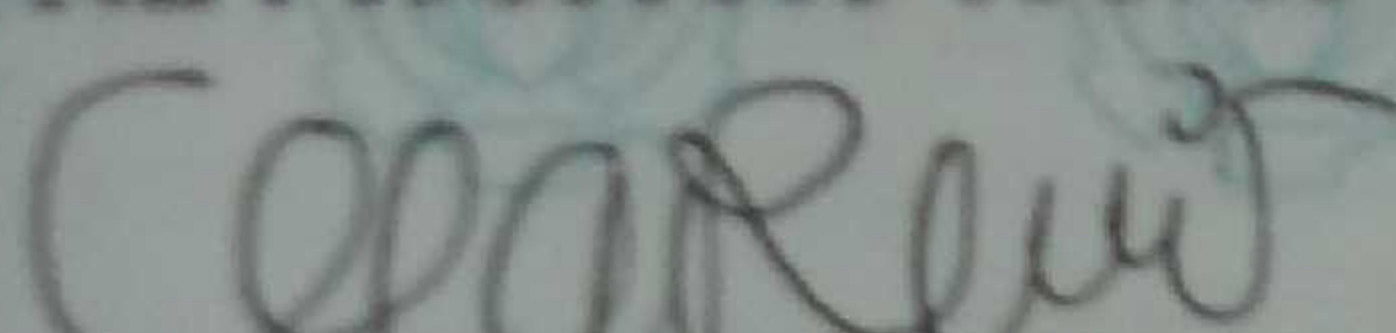
Dr. Hariyanto, M.Si.  
NIP. 19530414 198203 1 002

(Pembimbing I)



Dr. Chairul Imron, M.I.Komp.  
NIP. 19611115 198703 1 003

(Pembimbing II)



Dr. Mardlijah, MT.  
NIP. 19670114 199102 2 001

(Penguji)



Dr. Dwi Ratna Sulistyaningrum, MT.  
NIP. 19690405 199403 2 003

(Penguji)



Dr. Dieky Adzkiya, S.Si, M.Si.  
NIP. 19830517 200812 1 003

(Penguji)

Direktur Program Pascasarjana,



Prof. Ir. Djaohar Manfaat, M.Sc, Ph.D.

NIP. 19601202 198701 1 001



## KATA PENGANTAR

Dengan rahmat Allah SWT, syukur Alhamdulillah, penulis dapat menyelesaikan Tesis yang berjudul **“ANALISA MODEL EPIDEMIK DUA WILAYAH DUA LINTASAN”**. Tesis ini merupakan sebagian persyaratan kelulusan dalam memperoleh gelar magister di Program Studi Magister Matematika, Fakultas MIPA, Institut Teknologi Sepuluh Nopember.

Penyusunan Tesis ini tidak lepas dari bimbingan, bantuan, dan dukungan moral maupun spiritual dari berbagai pihak. Oleh sebab itu, penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Dr. Imam Mukhlash, S.Si, MT selaku Ketua Jurusan Matematika Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
2. Dr. Hariyanto, M.Si. dan Dr. Chairul Imron, M.I.Komp selaku dosen pembimbing yang telah meluangkan waktu untuk membimbing, memberikan masukan dan mendorong penulis dalam menyelesaikan Tesis ini.
3. Prof. Dr. Basuki Widodo, M.Sc. selaku dosen wali yang telah memberikan motivasi, arahan, dan bimbingan selama penulis menempuh kuliah.
4. Dr. Mardijah, MT, Dr. Dwi Ratna Sulistyanningrum, MT dan Dr. Dieky Adzkiya, S.Si, M.Si selaku dosen penguji yang telah memberikan masukan dan juga motivasi bagi penulis sehingga Tesis ini dapat diselesaikan tepat waktu.
5. Seluruh dosen Matematika yang telah memberikan bekal dan ilmu pengetahuan serta staf administrasi Program Studi Magister Matematika atas segala bantuannya.
6. Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI) telah memberikan beasiswa Fresh Graduate S2.
7. Keluarga dan sahabat penulis lainnya atas semua bantuan, semangat, dan dukungannya selama proses penulisan Tesis ini.
8. Keluarga besar Pascasarjana Matematika ITS 2014, dan semua pihak yang telah membantu proses penulisan Tesis ini yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu. Terima kasih.

Semoga Allah SWT memberikan anugerah dan karunia-Nya kepada semua pihak yang telah membantu menyelesaikan Tesis ini.

Penulis menyadari bahwa dalam penulisan Tesis ini masih banyak kekurangan, sehingga kritik dan saran dari pembaca sangat penulis harapkan untuk perbaikan kedepannya. Kritik dan saran bisa dikirim melalui email penulis [nurlitawulansari9@gmail.com](mailto:nurlitawulansari9@gmail.com). Akhirnya semoga Tesis ini dapat bermanfaat bagi pembaca, khususnya mahasiswa Institut Teknologi Sepuluh Nopember.

Surabaya, 6 April 2016

Penulis



## DAFTAR ISI

<b>LEMBAR PENGESAHAN .....</b>	<b>v</b>
<b>ABSTRAK.....</b>	<b>vii</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>ix</b>
<b>KATA PENGANTAR.....</b>	<b>xi</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>xiii</b>
<b>DAFTAR GAMBAR.....</b>	<b>xv</b>
<b>DAFTAR TABEL .....</b>	<b>xvii</b>
<b>DAFTAR SIMBOL .....</b>	<b>xix</b>
<b>DAFTAR LAMPIRAN .....</b>	<b>xxi</b>
<b>BAB 1 PENDAHULUAN .....</b>	<b>1</b>
1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	3
1.3 Batasan Masalah.....	4
1.4 Tujuan Penelitian .....	4
1.5 Manfaat Penelitian .....	4
<b>BAB 2 KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI .....</b>	<b>7</b>
2.1 Penelitian Terdahulu .....	7
2.2 Sistem Dinamik.....	8
2.3 Titik Keseimbangan .....	10
2.4 Linierisasi.....	11
2.5 Bilangan Reproduksi Dasar .....	13
2.6 Fungsi Lipschitz.....	16
2.7 Metode Runge-Kutta.....	17
<b>BAB 3 METODE PENELITIAN .....</b>	<b>21</b>
3.1 Tahapan Penelitian .....	21
<b>BAB 4 PEMBAHASAN.....</b>	<b>29</b>
4.1 Model Pada Wilayah Satu.....	29
4.1.1 Konstruksi Model Pada Wilayah Satu .....	29
4.1.2 Titik Keseimbangan Bebas Penyakit .....	35
4.1.3 Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah Satu .....	36
4.1.4 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan .....	43
4.2 Model Pada Wilayah Dua .....	50

4.2.1	Konstruksi Model Pada Wilayah Dua .....	50
4.2.2	Titik Keseimbangan Bebas Penyakit.....	54
4.2.3	Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah Dua .....	55
4.2.4	Analisis Eksistensi dan Ketunggalan.....	61
4.3	Model Pada Lintasan .....	69
4.3.1	Konstruksi Model Pada Lintasan.....	69
4.3.2	Titik Keseimbangan Bebas Penyakit.....	82
4.3.3	Bilangan Reproduksi Dasar Pada Lintasan .....	84
4.3.4	Analisis Eksistensi dan Ketunggalan.....	119
4.4	Simulasi dan Analisis .....	155
4.4.1	Simulasi Numerik Ketika Wilayah Satu dan wilayah Dua Dalam Keadaan Endemik.....	155
4.4.2	Simulasi Numerik Ketika Wilayah Bebas Penyakit dan Wilayah Dua Endemik .....	161
4.4.3	Simulasi Numerik Ketika Wilayah Satu Bebas Penyakit dan Wilayah Dua Bebas Penyakit.....	165
<b>BAB 5</b>	<b>KESIMPULAN DAN SARAN .....</b>	<b>169</b>
5.1	Kesimpulan.....	169
5.2	Saran .....	172
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>		<b>173</b>
<b>LAMPIRAN.....</b>		<b>175</b>
<b>BIODATA PENULIS .....</b>		<b>183</b>



## DAFTAR GAMBAR

<b>Gambar 3.1</b>	Diagram Alir.....	27
<b>Gambar 4.1</b>	Diagram Subpopulasi Susceptible di Wilayah Satu .....	31
<b>Gambar 4.2</b>	Diagram Subpopulasi Exposed di Wilayah Satu .....	32
<b>Gambar 4.3</b>	Diagram Subpopulasi Infected di Wilayah Satu.....	32
<b>Gambar 4.4</b>	Diagram Subpopulasi Recovery di Wilayah Satu .....	33
<b>Gambar 4.5</b>	Diagram Kompartemen pada Wilayah Satu .....	33
<b>Gambar 4.6</b>	Diagram Perubahan Status dari Individual Susceptible .....	43
<b>Gambar 4.7</b>	Diagram Subpopulasi Susceptible di Wilayah Dua.....	51
<b>Gambar 4.8</b>	Diagram Subpopulasi Exposed di Wilayah Dua .....	51
<b>Gambar 4.9</b>	Diagram Subpopulasi Recovery di Wilayah Dua.....	52
<b>Gambar 4.10</b>	Diagram Kompartemen pada Wilayah Dua.....	52
<b>Gambar 4.11</b>	Diagram Perubahan Status dari Individual Susceptible .....	62
<b>Gambar 4.12</b>	Diagram Subpopulasi Susceptible di Lintasan .....	71
<b>Gambar 4.13</b>	Diagram Subpopulasi Exposed di Lintasan.....	73
<b>Gambar 4.14</b>	Diagram Subpopulasi Infected di Lintasan.....	73
<b>Gambar 4.15</b>	Diagram Subpopulasi Recovery di Lintasan .....	74
<b>Gambar 4.16</b>	Lintasan terjadinya <i>Rate Transmisi</i> dan <i>Rate Travelling</i> .....	74
<b>Gambar 4.17</b>	Diagram Kompartemen pada Lintasan .....	76
<b>Gambar 4.18</b>	Diagram Perubahan Status dari Individual .....	119
<b>Gambar 4.19</b>	Diagram Kompartemen Model Wilayah Satu, Lintasan dan Wilayah Dua dalam Satu Sistem.....	153
<b>Gambar 4.20</b>	Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_1} > 1$ .....	157
<b>Gambar 4.21</b>	Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_2} > 1$ .....	158
<b>Gambar 4.22</b>	Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	158
<b>Gambar 4.23</b>	Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	159
<b>Gambar 4.24</b>	Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	159
<b>Gambar 4.25</b>	Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	160
<b>Gambar 4.26</b>	Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ .....	161
<b>Gambar 4.27</b>	Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_2} > 1$ .....	162



<b>Gambar 4.28</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	162
<b>Gambar 4.29</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	163
<b>Gambar 4.30</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	163
<b>Gambar 4.31</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ .....	164
<b>Gambar 4.32</b> Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ .....	165
<b>Gambar 4.33</b> Perubahan Subpopulasi pada Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_2} < 1$ .....	166
<b>Gambar 4.34</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ .....	166
<b>Gambar 4.35</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Satu ke Wilayah Dua untuk $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ .....	167
<b>Gambar 4.36</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Satu dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ .....	167
<b>Gambar 4.37</b> Perubahan Subpopulasi di Lintasan Dua dari Wilayah Dua ke Wilayah Satu untuk $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ .....	168





## DAFTAR TABEL

**Tabel 4.1** Nilai Parameter pada wilayah Satu dan Dua.....155

**Tabel 4.2** Nilai Awal Subpopulasi pada Wilayah Satu dan Dua.....156

**Tabel 4.3** Nilai Parameter pada Lintasan .....156

**Tabel 4.4** Nilai Awal Subpopulasi pada Lintasan .....156



## DAFTAR SIMBOL

$S_i$	: Subpopulasi <i>Susceptible</i> di wilayah $i$
$E_i$	: Subpopulasi <i>Exposed</i> di wilayah $i$
$I_i$	: Subpopulasi <i>Infected</i> di wilayah $i$
$R_i$	: Subpopulasi <i>Recovery</i> di wilayah $i$
$N_i$	: Total populasi pada wilayah $i$
$\Lambda_i$	: Laju populasi kelahiran pada wilayah $i$ per satuan waktu
$b_2$	: <i>Rate travelling</i> individu dari wilayah 2 ke wilayah 1 per satuan waktu
$b_1$	: <i>Rate travelling</i> individu dari wilayah 1 ke wilayah 2 per satuan waktu
$d_i$	: <i>Rate</i> kematian individu di wilayah $i$ per satuan waktu
$\gamma_i$	: <i>Rate</i> transisi subpopulasi <i>exposed</i> menjadi subpopulasi <i>infected</i> di wilayah $i$ per satuan waktu
$\varphi_i$	: <i>Rate</i> transisi subpopulasi <i>infected</i> menjadi subpopulasi <i>Recovery</i> di wilayah $i$ per satuan waktu
$\beta_i$	: <i>Rate</i> transmisi virus saat individu <i>susceptible</i> bergerak dan memiliki peluang bertemu dengan individu <i>infected</i> di wilayah $i$ per satuan waktu
$\mu_i$	: Rata-rata banyaknya individu <i>susceptible</i> bertemu dengan individu <i>infected</i> di wilayah $i$
$(S_{ik})_j$	: Subpopulasi <i>Susceptible</i> dari wilayah $i$ menuju wilayah $k$ melalui lintasan $j$
$(E_{ik})_j$	: Subpopulasi <i>Exposed</i> dari wilayah $i$ menuju wilayah $k$ melalui lintasan $j$
$(I_{ik})_j$	: Subpopulasi <i>Infected</i> dari wilayah $i$ menuju wilayah $k$ melalui lintasan $j$
$(R_{ik})_j$	: Subpopulasi <i>Recovery</i> dari wilayah $i$ menuju wilayah $k$ melalui lintasan $j$
$(b_{ik})_{jp}$	: <i>Rate travelling</i> dari wilayah $i$ menuju wilayah $k$ melalui lintasan $j$ pindah ke lintasan $p$



$(\gamma_{ik})_j$  : *Rate* transisi dari subpopulasi *Exposed* menjadi subpopulasi *infected* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(d_{ik})_j$  : *Rate* kematian dan kelahiran individu dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(\phi_{ik})_j$  : *Rate* transisi dari subpopulasi *infected* menjadi subpopulasi *Recovery* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(N_{ik})_j$  : Total populasi dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$

$(b_{12})_{11}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2 melalui lintasan 1 per satuan waktu

$(b_{12})_{21}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2 melalui lintasan 2 pindah ke lintasan 1 per satuan waktu

$(b_{12})_{22}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2 melalui lintasan 2 per satuan waktu

$(b_{12})_{12}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 menuju wilayah 2 melalui lintasan 1 pindah ke lintasan 2 per satuan waktu

$(b_{21})_{21}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1 melalui lintasan 2 pindah ke lintasan 1 per satuan waktu

$(b_{21})_{11}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1 melalui lintasan 1 per satuan waktu

$(b_{21})_{12}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1 melalui lintasan 1 pindah ke lintasan 2 per satuan waktu

$(b_{21})_{22}$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 menuju wilayah 1 melalui lintasan 2 per satuan waktu





## DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1	Source code program Model pada Wilayah Satu .....	173
Lampiran 2	Source code program Model pada Wilayah Dua.....	174
Lampiran 3	Source code program Model pada Lintasan .....	175



## **BAB I**

### **PENDAHULUAN**

Pada bab ini diuraikan latar belakang yang mendasari penelitian yang dilakukan. Didalamnya mencakup identifikasi permasalahan, beberapa informasi tentang penelitian terdahulu yang berhubungan dengan topik tesis, uraian singkat tentang virus dan penyebarannya. Selain itu dirumuskan permasalahan yang akan dibahas, batasan masalah, tujuan penelitian, dan manfaat penelitian.

#### **1.1 Latar Belakang**

Virus adalah organisme parasit berukuran mikroskopik yang menginfeksi sel organisme biologis dan mengandung sejumlah kecil asam nukleat yang diselubungi semacam bahan pelindung yang terdiri atas protein, lipid, glikoprotein, atau kombinasi ketiganya. Organisme ini mempunyai DNA dan mampu berkembang biak pada sel hidup dan juga bisa seperti benda mati karena tidak mempunyai protoplasma dan mampu dikristalkan. Virus digolongkan ke dalam kingdom tersendiri karena sifatnya parasit obligat, yaitu hanya dapat bereproduksi didalam material hidup dengan memanfaatkan sel makhluk hidup karena tidak memiliki perlengkapan seluler untuk bereproduksi sendiri. Hampir semua organisme ini menimbulkan penyakit pada makhluk hidup lain (Artikelsiana, 2015).

Sebagian besar virus masuk dan berkembang biak dalam tubuh manusia dan hewan melalui mulut, hidung, dan kulit yang luka. Jika ada virus yang masuk ke dalam tubuh maka sel tubuh akan mempertahankan dengan menghasilkan sel fagosit, antibodi, dan interferon. Beberapa penyakit menular yang disebabkan oleh infeksi virus adalah influenza, batuk, pilek, tifus, flu burung dan MERS. Ada beberapa penyakit yang memiliki masa inkubasi, yaitu masa dimana virus sudah masuk pada tubuh manusia namun tubuh tersebut belum menunjukkan adanya infeksi suatu penyakit. Pada masa inkubasi, virus yang masuk dalam tubuh manusia akan melawan sistem kekebalan tubuh individu, jika kekebalan tubuh individu sehat yang telah melakukan kontak dengan individu terinfeksi lebih kuat maka individu tersebut tidak akan tertular penyakit, namun sebaliknya jika kekebalan tubuh individu sehat yang telah melakukan kontak dengan individu



terinfeksi lemah maka individu yang sehat akan menjadi individu terinfeksi. Beberapa penyakit memiliki masa inkubasi yaitu MERS dengan masa inkubasi 2 – 14 hari, ebola dengan masa inkubasi 2 – 21 hari, flu burung dengan masa inkubasi 1- 3 hari (Gunawan. E., 2015).

Penyebaran penyakit infeksi merupakan penyebab kematian yang lebih umum di dunia, mekanisme penularan dari individu terinfeksi kepada yang rentan sangatlah kompleks, sehingga akan dibangun model epidemik dengan memperhatikan epidemiologi dari penyakit tersebut. Epidemiologi adalah studi tentang frekuensi dari suatu penyakit yang terjadi pada sekelompok orang sehingga dapat digunakan untuk merencanakan strategi pengendalian dan pencegahan penyebaran penyakit dengan mengamati sumber penyakit tersebut (Abdul. R., 1974).

Pemodelan epidemik berkenaan dengan pemodelan deterministik dinamis dimana populasi dibagi dalam kompartemen-kompartemen yang didefinisikan sebagai status epidemiologi seperti SEIR.. Model epidemik menggunakan deskripsi mikroskopik atau peranan individu yang menularkan kepada orang lain sehingga dapat digunakan untuk memprediksi perilaku makroskopik dari penyebaran penyakit melalui populasi (Hethcote, 2000).

Salah satu contoh model epidemik yang pernah dibuat adalah model epidemik multispesies (Julien Arino dkk, 2005) yang mengkonstruksi model matematika bertipe SEIR bertujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit antar spesies pada multi lintasan dengan mencari  $\mathcal{R}_0$  hanya pada lintasan tanpa memperhatikan penyebaran penyakit antar wilayah. Model epidemik pre-koalisi antara H1N1-p dan H5N1 ( Hariyanto dkk, 2013) yang mengkonstruksi model matematika bertipe SEIS (*Susceptible, Exposed, Infected, Susceptible*) bertujuan untuk mengetahui virus yang lebih dominan pada suatu sistem tersebut dengan menganalisis sistem dengan menggunakan persistensi dan  $\mathcal{R}_0$ , namun pada penelitian ini tidak didapatkan nilai  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan yang menghubungkan dua wilayah dan diasumsikan bahwa wilayah 1 dan wilayah 2 adalah identik. Model Epidemik antar dua wilayah (Alan. E. dkk, 2015) bertipe SITRS (*Susceptible, Infected, Treatment, Recovery, Susceptible*) bertujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit antar dua wilayah dengan mencari nilai  $\mathcal{R}_0$  pada suatu sistem



yang terdapat hubungan antar wilayah dengan mengasumsikan bahwa wilayah 1 dan wilayah 2 adalah identik, sehingga  $\mathcal{R}_0$  yang didapatkan hanya ada 1, selain itu  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan yang menghubungkan antar wilayah diabaikan.

Berbeda dengan penelitian sebelumnya, pada penelitian ini dikonstruksi model matematika bertipe SEIR. Model tersebut dikonstruksi bertujuan untuk mengetahui aliran penyebaran virus antar 2 wilayah dengan memperoleh  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan, wilayah 1 dan wilayah 2. Model pada wilayah 1 dan wilayah 2 tidak identik artinya memiliki parameter kelahiran, kematian, transmisi virus, transisi keadaan individu yang berbeda untuk setiap wilayah karena setiap wilayah 1 dan wilayah 2 belum tentu memiliki parameter yang sama.

Bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) didefinisikan sebagai tolok ukur terjadi atau tidaknya endemik pada suatu wilayah, dan pada lintasan yang menghubungkan antar wilayah. Selain itu  $\mathcal{R}_0$  juga dapat didefinisikan sebagai jumlah rata-rata infeksi sekunder yang dihasilkan bila seorang individu yang terinfeksi masuk ke dalam populasi dimana semua orang rentan. Untuk model epidemik, infeksi bisa dimulai pada populasi yang benar-benar rentan jika dan hanya jika  $\mathcal{R}_0 > 1$ . Dengan demikian  $\mathcal{R}_0$  sering dianggap sebagai kuantitas ambang batas yang menentukan kapan infeksi bisa menginfeksi dan tetap bertahan pada populasi yang baru. Pengetahuan tentang  $\mathcal{R}_0$  menginformasikan ukuran kontrol misalnya vaksinasi minimum yang dibutuhkan untuk mencegah epidemik (Clancy dan Oneils, 2008) menyatakan begitu pentingnya menentukan  $\mathcal{R}_0$  dalam persoalan epidemik.

## **1.2 Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan, maka dapat dirumuskan permasalahan yang dibahas dalam penelitian ini sebagai berikut.

1. Bagaimana mengkonstruksi model epidemik SEIR penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan melalui dua lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut.
2. Bagaimana menentukan rumus  $\mathcal{R}_0$  pada masing-masing wilayah dan pada lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut.



3. Bagaimana simulasi  $\mathcal{R}_0$  dari model tipe SEIR dengan menggunakan metode Runge–Kutta.

### 1.3 Batasan Masalah

Penelitian ini difokuskan pada pembahasan dengan beberapa batasan masalah sebagai berikut.

1. Individu yang menjadi objek penelitian ini adalah manusia.
2. Individu yang baru lahir memiliki kekebalan alami, sehingga masuk dalam subpopulasi *Susceptible*.
3. Banyaknya wilayah asal ada dua, banyaknya lintasan ada dua dan banyaknya wilayah tujuan ada dua.
4. Virus yang diamati satu spesies.
5. Individu *infected* tidak melakukan *travelling* ke wilayah lain.
6. Individu *infected* terisolasi saat di lintasan sehingga yang bergerak individu *susceptible*.
7. Individu yang melakukan *travelling* ke wilayah lain akan menjadi individu wilayah tersebut.

### 1.4 Tujuan Penelitian

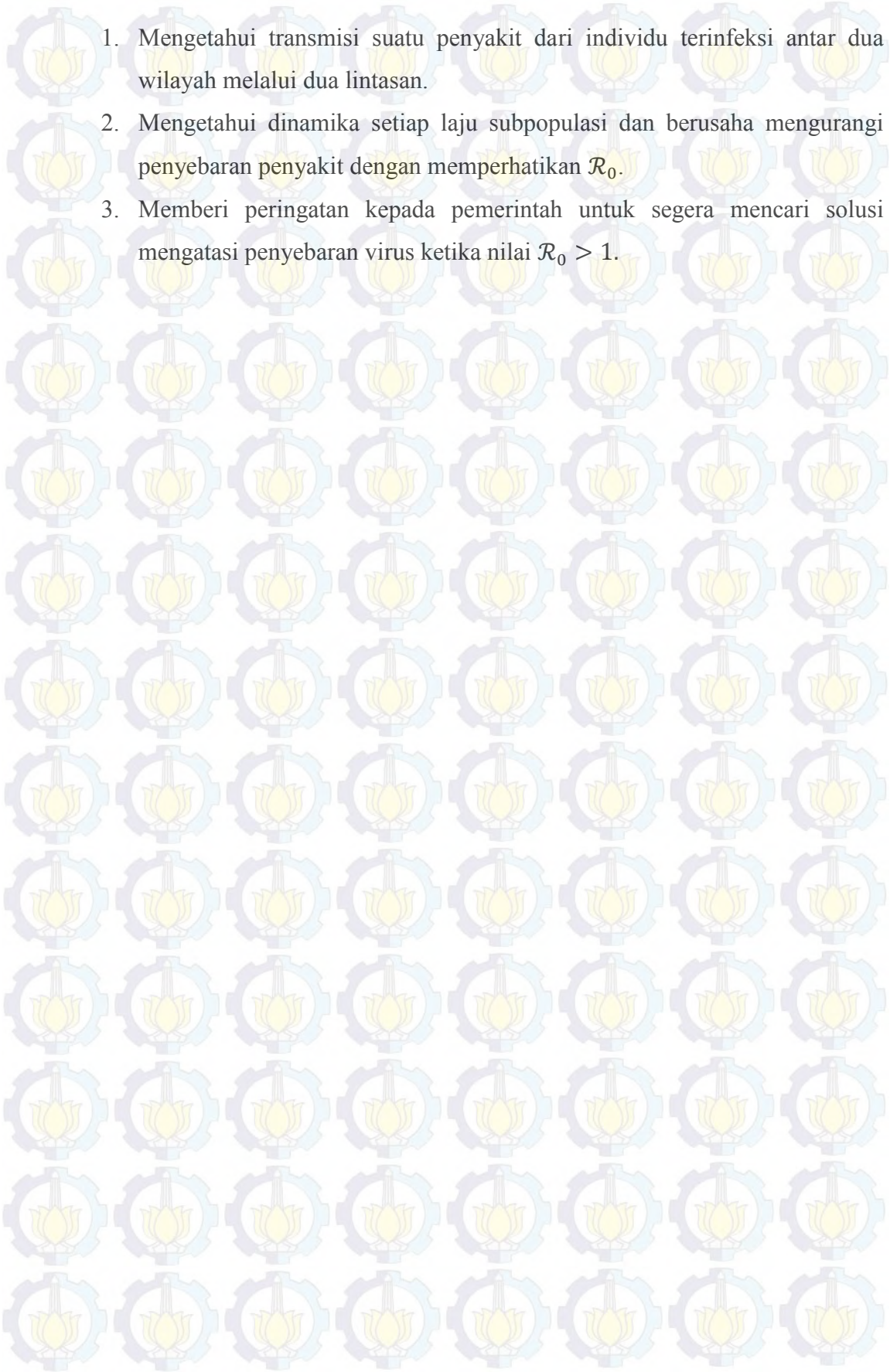
Berdasarkan rumusan masalah di atas, tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengkonstruksi model epidemik SEIR penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan melalui dua lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut.
2. Mendapatkan rumus  $\mathcal{R}_0$  pada masing-masing wilayah dan pada lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut.
3. Simulasi  $\mathcal{R}_0$  dari model tipe SEIR dengan menggunakan metode Runge–Kutta.

### 1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat yang diharapkan dari hasil penelitian ini antara lain



- 
1. Mengetahui transmisi suatu penyakit dari individu terinfeksi antar dua wilayah melalui dua lintasan.
  2. Mengetahui dinamika setiap laju subpopulasi dan berusaha mengurangi penyebaran penyakit dengan memperhatikan  $\mathcal{R}_0$ .
  3. Memberi peringatan kepada pemerintah untuk segera mencari solusi mengatasi penyebaran virus ketika nilai  $\mathcal{R}_0 > 1$ .



## BAB 2

### KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI

Sebelum membangun model dan menganalisisnya, sangat diperlukan adanya materi-materi penunjang dan pendukung. Pada bab ini diberikan teori-teori penunjang terkait dengan penelitian.

#### 2.1 Penelitian Terdahulu

Penyebaran penyakit menular telah menjadi momok bagi masyarakat dan tidak mudah untuk mengendalikan penyebarannya karena interaksi penularan pada populasi sangat kompleks. Model epidemik menggunakan deskripsi mikroskopik atau peranan individu yang menularkan kepada orang lain sehingga dapat digunakan untuk memprediksi perilaku makroskopik dari penyebaran penyakit melalui populasi (Hethcote, 2000).

Model epidemik yang pernah dibuat diantaranya adalah model epidemik multi-spesies (Julien Arino dkk, 2005) yang mengkonstruksi model matematika bertipe SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Removed*) bertujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit antar spesies pada multi-lintasan dengan mencari  $\mathcal{R}_0$  hanya pada lintasan tanpa memperhatikan penyebaran penyakit antar wilayah.

Model epidemik pre-koalisi antara H1N1-p dan H5N1 (Hariyanto dkk, 2013) yang mengkonstruksi model matematika bertipe SEIS (*Susceptible, Exposed, Infected, Susceptible*) bertujuan untuk mengetahui virus yang lebih dominan pada suatu sistem tersebut dengan menganalisis sistem dengan menggunakan persistensi dan  $\mathcal{R}_0$ , namun pada penelitian ini tidak didapatkan nilai  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan yang menghubungkan dua wilayah dan diasumsikan bahwa wilayah 1 dan wilayah 2 adalah identik.

Model penyebaran penyakit (Driessche dkk, 2002) yang mengkonstruksi model epidemik multi-infeksi, model epidemik dengan pengobatan, model multi-grup. Pada penelitian ini mencari nilai  $\mathcal{R}_0$  pada masing-masing model, namun hanya satu wilayah yang diamati.



Model Epidemik antar dua wilayah (Alan. E. dkk, 2015) bertipe SITRS (*Susceptible, Infected, Treatment, Recovery, Susceptible*) bertujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit antar dua wilayah dengan mencari nilai  $\mathcal{R}_0$  pada suatu sistem yang terdapat hubungan antar wilayah dengan mengasumsikan bahwa wilayah 1 dan wilayah 2 adalah identik, sehingga  $\mathcal{R}_0$  yang didapatkan hanya ada 1, selain itu  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan yang menghubungkan antar wilayah diabaikan.

## 2.2 Sistem Dinamik

Berikut ini contoh sistem dinamik yang berbentuk non linier.

1. Model epidemik multi spesies (Julien Arino dkk, 2005).

Model ini menggambarkan penyebaran penyakit dari satu spesies ke spesies lainnya karena bertemunya spesies satu dengan lainnya ketika di lintasan.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS_{ip}}{dt} &= d_{ip}(N_{ip} - S_{ip}) - \sum_{j=1}^s \beta_{ijp} S_{ip} \frac{I_{jp}}{N_{jp}} + \sum_{q=1}^n m_{ipq} S_{iq} - \sum_{q=1}^n m_{iqp} S_{ip} \\
 \frac{dE_{ip}}{dt} &= \sum_{j=1}^s \beta_{ijp} S_{ip} \frac{I_{jp}}{N_{jp}} - (d_{ip} + \varepsilon_{ip}) E_{ip} + \sum_{q=1}^n m_{ipq} E_{iq} - \sum_{q=1}^n m_{iqp} E_{ip} \\
 \frac{dI_{ip}}{dt} &= \varepsilon_{ip} E_{ip} - (d_{ip} + \gamma_{ip}) I_{ip} + \sum_{q=1}^n m_{ipq} I_{iq} - \sum_{q=1}^n m_{iqp} I_{ip} \\
 \frac{dR_{ip}}{dt} &= \gamma_{ip} I_{ip} - d_{ip} R_{ip} + \sum_{q=1}^n m_{ipq} R_{iq} - \sum_{q=1}^n m_{iqp} R_{ip}
 \end{aligned} \tag{2.1}$$

Diberikan kondisi awal yaitu

$$N_{ip}(0) = 50.000, \quad I_{ip}(0) = 50.$$

dengan  $N_{ip} = S_{ip} + E_{ip} + I_{ip} + R_{ip}$  dan semua kelahiran diasumsikan *Susceptible* dengan  $d_{ip} N_{ip}$  dan kematian karena penyakit diabaikan.  $\beta_{ijp} \geq 0$  tingkat penularan penyakit dari spesies  $j$  ke spesies  $i$  di lintasan  $p$ .  $m_{ipq} \geq 0$  tingkat travel untuk spesies  $i$  dari lintasan  $q$  ke lintasan  $p$  dan  $m_{ipp} = 0$ .



2. Model epidemik multi-kota (Julien Arinot, 2003).

Model ini menggambarkan penyebaran penyakit karena perpindahan penduduk dari satu kota ke kota lainnya.

Penduduk dari kota  $i$  ke kota  $i$ , dengan  $i = 1, 2, 3, \dots, n$

$$\begin{aligned}\frac{dS_{ii}}{dt} &= \sum_{k=1}^n r_{ik}S_{ik} - g_iS_{ii} - \sum_{k=1}^n \kappa_i\beta_{iki} \frac{S_{ii}I_{ki}}{N_i^p} + d(N_i^r - S_{ii}) + vR_{ii} \\ \frac{dE_{ii}}{dt} &= \sum_{k=1}^n r_{ik}E_{ik} - g_iE_{ii} + \sum_{k=1}^n \kappa_i\beta_{iki} \frac{S_{ii}I_{ki}}{N_i^p} - (\varepsilon + d)E_{ii} \\ \frac{dI_{ii}}{dt} &= \sum_{k=1}^n r_{ik}I_{ik} - g_iI_{ii} + \varepsilon E_{ii} - (\gamma + d)I_{ii} \\ \frac{dR_{ii}}{dt} &= \sum_{k=1}^n r_{ik}R_{ik} - g_iR_{ii} + \gamma I_{ii} - (v + d)R_{ii}\end{aligned}$$

Diberikan kondisi awal yaitu

$$S_{ii}(0) = S_{ii(0)}, E_{ii}(0) = E_{ii(0)}, I_{ii}(0) = I_{ii(0)}, R_{ii}(0) = R_{ii(0)}.$$

dengan  $g_i \geq 0$ ,  $g_i$  adalah penduduk yang meninggalkan kota  $i$ ,  $r_{ik}$  adalah tingkat penduduk yang kembali dari kota  $k$  ke kota  $i$ .

Untuk  $j \neq i$

$$\begin{aligned}\frac{dS_{ij}}{dt} &= g_im_{ji}S_{ii} - r_{ij}S_{ij} - \sum_{j=1}^s \kappa_j\beta_{ikj} \frac{S_{ij}I_{kj}}{N_j^p} - dS_{ij} + vR_{ij} \\ \frac{dE_{ij}}{dt} &= g_im_{ji}E_{ii} - r_{ij}E_{ij} + \sum_{j=1}^s \kappa_j\beta_{ikj} \frac{S_{ij}I_{kj}}{N_j^p} - (d + \varepsilon)E_{ij} \\ \frac{dI_{ij}}{dt} &= g_im_{ji}I_{ii} - r_{ij}I_{ij} + \varepsilon E_{ij} - (d + \gamma)I_{ij} \\ \frac{dR_{ij}}{dt} &= g_im_{ji}R_{ii} - r_{ij}R_{ij} + \gamma I_{ij} - (d + v)I_{ij}\end{aligned}$$

Diberikan kondisi awal yaitu

$$S_{ij}(0) = S_{ij(0)}, E_{ij}(0) = E_{ij(0)}, I_{ij}(0) = I_{ij(0)}, R_{ij}(0) = R_{ij(0)}.$$

dengan  $N_{ij} = S_{ij} + E_{ij} + I_{ij} + R_{ij}$ .

$g_im_{ji}$  adalah tingkat travel dari kota  $i$  ke kota  $j$ ,  $r_{ij}$  adalah tingkat penduduk yang kembali dari kota  $j$  ke kota  $i$  dan  $\kappa_j\beta_{ikj}$  adalah tingkat kontak penyakit dikota  $j$



antara peluang individu *susceptible* dari kota  $i$  dan peluang individu *infected* dari kota  $k$ . Sedangkan  $d, \gamma, \varepsilon, \nu$  adalah tingkat kematian, tingkat transisi dari populasi *infected* menjadi populasi *recovery*, tingkat transisi dari populasi *exposed* menjadi populasi *infected*, tingkat transisi populasi *recovery* menjadi populasi *susceptible* kembali.

Pada penelitian ini dibutuhkan titik setimbang untuk mengetahui perilaku dari solusi sistem dinamik dengan suatu pendekatan disekitar titik setimbang.

### 2.3 Titik Keseimbangan

Titik setimbang adalah titik dimana sistem berada dalam keadaan setimbang. Jika sistem stabil maka penyelesaian sangat dekat ke titik setimbang didalam suatu sekitar (asalkan titik awal cukup dekat ke titik setimbang).

#### Definisi 2.1

$$\frac{dx}{dt} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n$$

Mempunyai solusi setimbang adalah titik  $x^* \in \mathbb{R}^n$  yang memenuhi  $f(x^*) = 0$  tidak berubah terhadap waktu atau konstan. Istilah lain untuk  $x^*$  adalah titik tetap, titik stasioner, titik tunggal, titik kritis (Alligood dkk, 2000).

Misalkan terdapat suatu sistem

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= f_1(S, E, I, R) \\ \frac{dE}{dt} &= f_2(S, E, I, R) \\ \frac{dI}{dt} &= f_3(S, E, I, R) \\ \frac{dR}{dt} &= f_4(S, E, I, R) \end{aligned}, \quad (S, E, I, R) \in \mathbb{R}^4 \quad (2.2)$$

Sebuah solusi kesetimbangan dari sistem (2.2) adalah sebuah titik  $(S^*, E^*, I^*, R^*) \in \mathbb{R}^4$  yang memenuhi  $f_1(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$ ,  $f_2(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$ ,  $f_3(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$ ,  $f_4(S^*, E^*, I^*, R^*) = 0$ .

$(S^*, E^*, I^*, R^*)$  disebut titik kritis atau titik kesetimbangan atau titik tetap dari



sistem (2.2). Titik setimbang merupakan solusi Sistem (2.2) yang bernilai konstan (Kumar, B, 2013).

Sistem epidemik yang dikonstruksi pada penelitian ini berbentuk non linier maka dibutuhkan linierisasi sehingga sistem epidemik menjadi linier.

#### 2.4 Linierisasi

Linierisasi merupakan proses melinierkan sistem nonlinear yang variabelnya memiliki pangkat tertinggi lebih dari satu menjadi sistem linier. Pendekatan linier dilakukan disekitar titik setimbang.

Misalkan

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= f_1(S, E, I, R) \\ \frac{dE}{dt} &= f_2(S, E, I, R) \\ \frac{dI}{dt} &= f_3(S, E, I, R) \\ \frac{dR}{dt} &= f_4(S, E, I, R) \quad , (S, E, I, R) \in \mathbb{R}^4\end{aligned}\tag{2.3}$$

Asumsikan  $f_1, f_2, f_3$  dan  $f_4$  mempunyai turunan parsial yang kontinu di titik  $\bar{x}^* = (S^*, E^*, I^*, R^*)$ . Deret Taylor fungsi  $f_1, f_2, f_3$  dan  $f_4$  disekitar  $\bar{x}^*$  adalah

$$\begin{aligned}f_1(\bar{x}) &= f_1(\bar{x}^*) + \frac{\partial f_1(\bar{x}^*)}{\partial S}(S - S^*) + \frac{\partial f_1(\bar{x}^*)}{\partial E}(E - E^*) \\ &\quad + \frac{\partial f_1(\bar{x}^*)}{\partial I}(I - I^*) + \frac{\partial f_1(\bar{x}^*)}{\partial R}(R - R^*) + \varsigma_1(\bar{x})\end{aligned}\tag{2.4}$$

$$\begin{aligned}f_2(\bar{x}) &= f_2(\bar{x}^*) + \frac{\partial f_2(\bar{x}^*)}{\partial S}(S - S^*) + \frac{\partial f_2(\bar{x}^*)}{\partial E}(E - E^*) \\ &\quad + \frac{\partial f_2(\bar{x}^*)}{\partial I}(I - I^*) + \frac{\partial f_2(\bar{x}^*)}{\partial R}(R - R^*) + \varsigma_2(\bar{x})\end{aligned}\tag{2.5}$$

$$\begin{aligned}f_3(\bar{x}) &= f_3(\bar{x}^*) + \frac{\partial f_3(\bar{x}^*)}{\partial S}(S - S^*) + \frac{\partial f_3(\bar{x}^*)}{\partial E}(E - E^*) + \frac{\partial f_3(\bar{x}^*)}{\partial I}(I - I^*) \\ &\quad + \frac{\partial f_3(\bar{x}^*)}{\partial R}(R - R^*) + \varsigma_3(\bar{x})\end{aligned}\tag{2.6}$$



$$f_4(\bar{x}) = f_4(\bar{x}^*) + \frac{\partial f_4(\bar{x}^*)}{\partial S} (S - S^*) + \frac{\partial f_4(\bar{x}^*)}{\partial E} (E - E^*) + \frac{\partial f_4(\bar{x}^*)}{\partial I} (I - I^*) + \frac{\partial f_4(\bar{x}^*)}{\partial R} (R - R^*) + \zeta_4(\bar{x}) \quad (2.7)$$

dengan  $\zeta_1(\bar{x})$ ,  $\zeta_2(\bar{x})$ ,  $\zeta_3(\bar{x})$  dan  $\zeta_4(\bar{x})$  adalah suku sisa.

Hampiran orde satu terhadap  $f_1, f_2, f_3$ , dan  $f_4$ , suku sisa memenuhi sifat

$$\begin{aligned} \lim_{(\bar{x}) \rightarrow (\bar{x}^*)} \frac{\zeta_1(x)}{\|w\|} &= 0, \\ \lim_{(\bar{x}) \rightarrow (\bar{x}^*)} \frac{\zeta_2(x)}{\|w\|} &= 0, \\ \lim_{(\bar{x}) \rightarrow (\bar{x}^*)} \frac{\zeta_3(x)}{\|w\|} &= 0, \\ \lim_{(\bar{x}) \rightarrow (\bar{x}^*)} \frac{\zeta_4(x)}{\|w\|} &= 0, \end{aligned} \quad (2.8)$$

dengan  $w = (S - S^*, E - E^*, I - I^*, R - R^*)^T$ .

Karena  $\frac{dS}{dt} = \frac{d}{dt} (S - S^*)$ ,  $\frac{dE}{dt} = \frac{d}{dt} (E - E^*)$ ,  $\frac{dI}{dt} = \frac{d}{dt} (I - I^*)$ , dan

$\frac{dR}{dt} = \frac{d}{dt} (R - R^*)$  maka Persamaan (2.4)-(2.7) dapat ditulis dalam bentuk matriks,

sebagai

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} S - S^* \\ E - E^* \\ I - I^* \\ R - R^* \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_1(\bar{x}^*) \\ f_2(\bar{x}^*) \\ f_3(\bar{x}^*) \\ f_4(\bar{x}^*) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \end{bmatrix} (\bar{x}^*) \begin{bmatrix} S - S^* \\ E - E^* \\ I - I^* \\ R - R^* \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \zeta_1(\bar{x}) \\ \zeta_2(\bar{x}) \\ \zeta_3(\bar{x}) \\ \zeta_4(\bar{x}) \end{bmatrix}$$

Matriks  $\begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \end{bmatrix} (\bar{x}^*)$  disebut matriks Jacobi atau *partial derivative*

*matrix* dan dinotasikan dengan  $J(\bar{x}^*)$  atau disingkat  $J$ .

Jika diasumsikan  $\dot{S} = S - S^*$ ,  $\dot{E} = E - E^*$ ,  $\dot{I} = I - I^*$ , dan  $\dot{R} = R - R^*$  dan dapat ditulis kembali dalam bentuk



$$\begin{bmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \\ \frac{dR}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} \\ \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial R} \end{bmatrix} (\bar{x}^*) \begin{bmatrix} \dot{S} \\ \dot{E} \\ \dot{I} \\ \dot{R} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \zeta_1 \\ \zeta_2 \\ \zeta_3 \\ \zeta_4 \end{bmatrix} \quad (2.9)$$

Persamaan (2.9) dapat ditulis sebagai

$$\frac{dw}{dt} = Jw + \zeta$$

Untuk  $w = (\dot{S}, \dot{E}, \dot{I}, \dot{R})^T$  dan  $\zeta = (\zeta_1, \zeta_2, \zeta_3, \zeta_4)^T$ . Bila  $(S, E, I, R)$  cukup dekat dengan  $(S^*, E^*, I^*, R^*)$  maka  $(\dot{S}, \dot{E}, \dot{I}, \dot{R})$  bernilai kecil, sehingga  $\|\zeta\| \ll \|w\|$ . Oleh karena itu,  $\zeta$  dapat diabaikan dan Persamaan (2.9) dapat di hampiri oleh sistem linear

$$\frac{dw}{dt} = Jw$$

(Boyce & Prima, 2009)

Bilangan reproduksi dasar sangat dibutuhkan untuk mengetahui aliran penyebaran virus yang terjadi pada dua wilayah dan lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut.

## 2.5 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) dapat digunakan sebagai penjelasan tentang fenomena yang telah dibuat, selain itu dapat digunakan untuk menunjukkan banyaknya infeksi baru yang disebabkan oleh individu terinfeksi selama individu tersebut hidup sebagai individu yang terinfeksi. Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan bersih dari populasi. Sebaliknya, jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru. Dalam keadaan endemik, dapat ditentukan suatu tindakan pengendalian dan besarnya nilai parameter yang tepat, sehingga  $\mathcal{R}_0 < 1$ . Sedangkan jika  $\mathcal{R}_0 = 1$  maka terjadi bifurkasi yang dapat didefinisikan sebagai perubahan stabilitas yang diakibatkan oleh perubahan parameter.

Diasumsikan populasi dapat dikelompokkan ke dalam  $n$  kompartemen. Diberikan  $x = (x_1 \dots x_n)^T$  dengan  $x_i \geq 0$ , dimana  $x_i$  adalah banyaknya individu



pada masing-masing kompartemen. Kemudian diberikan  $X_s$  adalah himpunan state yang tidak nol saat bebas penyakit dan didefinisikan sebagai berikut

$$X_s = \{x \geq 0 | x_i = 0, i = 1, \dots, m\}$$

dengan  $m$  adalah banyaknya kompartemen yang terdapat individu terinfeksi. Untuk menghitung nilai dari  $\mathcal{R}_0$  terdapat dua langkah. Pertama didefinisikan  $\mathcal{F}_i(x)$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $i$ , sedangkan  $\mathcal{V}_i^-(x)$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $i$  dan  $\mathcal{V}_i^+(x)$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $i$ . Model penyebaran penyakit terdiri dari kondisi awal non negatif dengan persamaan sistem sebagai berikut.

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n$$

dengan  $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$ . Kemudian langkah kedua harus memenuhi asumsi - asumsi berikut.

1. Setiap fungsi mempresentasikan perpindahan langsung dari individu, sehingga semua fungsi bernilai non negatif, maka dapat ditulis  
Jika  $x \geq 0$ , maka  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^-(x), \mathcal{V}_i^+(x) \geq 0$  untuk  $i = 1, \dots, n$ .
2. Jika sebuah kompartemen kosong, maka tidak ada individu yang keluar dari kompartemen melalui kematian dan infeksi.  
Jika  $x_i = 0$  maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$ . Secara khusus, jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$  untuk  $i = 1, \dots, m$ .

3. Berdasarkan dari fakta sederhana bahwa jika timbulnya infeksi untuk kompartemen yang tidak terinfeksi adalah nol, maka dapat ditulis

$$\mathcal{F}_i = 0, \text{ jika } i > m.$$

4. Jika populasi bebas dari penyakit maka populasi akan tetap bebas dari penyakit (tidak ada imigrasi atau infeksi).

Jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  dan  $\mathcal{V}_i^+ = 0$  untuk  $i = 1, \dots, m$ .

5. Berdasarkan turunan dari  $f$  didekat titik kesetimbangan bebas penyakit atau *Disease Free Equilibrium* (DFE), didefinisikan DFE dari  $f$  adalah penyelesaian kestabilan lokal dari titik kesetimbangan bebas penyakit, dengan  $f$  terbatas ke  $X_s$ . Jika populasi ada disekitar DFE, maka populasi akan kembali ke DFE menurut linearisasi sistem:



$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \text{ dengan } Df(x_0) = \frac{\partial f_i}{\partial x_j}$$

jika  $\mathcal{F}(x)$  menuju nol, maka semua nilai eigen dari  $Df(x_0)$  mempunyai bagian real negative (Driessche & Wetmough, 2002).

Dari asumsi 1-5 di atas didapatkan Lemma 2.1 sebagai berikut

**Lemma 2.1**

Jika  $x_0$  adalah titik kesetimbangan bebas penyakit dan  $f_i(x)$  memenuhi asumsi 1-5, maka turunan  $D\mathcal{F}(x_0)$  dan  $D\mathcal{V}(x_0)$  adalah partisi sebagai berikut

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad D\mathcal{V}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix}$$

Dengan  $F$  dan  $V$  adalah matriks berukuran  $m \times m$  yang didefinisikan sebagai berikut

$$F = \left[ \frac{\partial \mathcal{F}_i(x_0)}{\partial x_j} \right], V = \left[ \frac{\partial \mathcal{V}_i(x_0)}{\partial x_j} \right], \text{ dengan } 1 \leq i, j \leq m$$

Dengan  $F$  non negatif dan  $V$  merupakan M-matriks *non-singular*, dan semua nilai eigen dari  $J_3$  dan  $J_4$  adalah positif.

Matriks generasi selanjutnya adalah  $A = FV^{-1}$  dan  $\mathcal{R}_0$  dapat dituliskan sebagai

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \rho(A),$$

dengan  $\rho(A)$  adalah *spectral radius* dari matriks  $A$ , yaitu maksimum modulus nilai eigen dari matriks  $A$  (Driessche & Wetmough, 2002).

**Definisi 2.2**

Matriks  $V$  merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika sebuah matriks  $V$  berukuran  $n \times n$  menunjukkan bentuk  $V = sI - B$ . Dimana  $s > \rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$  ( Berman & Plemmons, 1979,  $M_{35}$ , p. 127).

$\mathcal{R}_0$  didapatkan dengan menggunakan next generation matrix (Driessche & Watmough, 2002)

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1})$$

$\mathcal{R}_0$  sebagai ambang batas kestabilan pada titik setimbang bebas penyakit. Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil ( semua nilai eigen dari  $F - V$  mempunyai bagian real negatif). Jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil (Driessche & Watmough, 2002).



Berikut ini cara mencari  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan dari Model epidemik (2.1)  
 $E_{11}, E_{21}, \dots, E_{12}, \dots, E_{sn}, I_{11}, I_{21}, \dots, I_{s1}, I_{12}, \dots, I_{sn}$

Matrik non negatif  $F$  mempunyai bentuk

$$F = \begin{bmatrix} 0 & G \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & G_k \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Dan matrik  $V$  adalah matrik blok

$$V = \begin{bmatrix} A & 0 \\ -C & B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A_{11} & \cdots & A_{1n} & & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & & \\ A_{n1} & \cdots & A_{nn} & & \\ & & & B_{11} & \cdots & B_{1n} \\ & -C_k & & \vdots & \ddots & \vdots \\ & & & B_{n1} & \cdots & B_{nn} \end{bmatrix}$$

Matrik  $G, A, B$ , dan  $C$  adalah matrik  $sn \times sn$ . Matrik  $A$  dan  $B$  adalah  $M$  matrik non singular ( Berman & Plemmons, 1979,  $M_{35}$ , p.127) jadi  $A^{-1}$  dan  $B^{-1}$  adalah non negatif.

### **Teorema 2.1**

$\mathcal{R}_0$  pada Model epidemik (2.1) adalah

$$\mathcal{R}_0 = \rho(GB^{-1}CA^{-1})$$

Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal, jika  $\mathcal{R}_0 > 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil.

Model ditunjukkan bahwa model memiliki penyelesaian ada dan tunggal

### **2.6 Fungsi Lipschitz**

Fungsi *Lipschitz* dilakukan bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian tunggal dan ada, selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan.

### **Definisi 2.3**

Misalkan  $A \subset R$  dan  $f: A \rightarrow R$  disebut fungsi *Lipschitz* jika terdapat  $K > 0$  sedemikian hingga:

$$\|f(x_1) - f(x_2)\| \leq K \|x_1 - x_2\|, \forall x_1, x_2 \in A$$

( Pangarapan Lasker,2009)

Diberikan sistem dari masalah nilai awal yang berbetuk

$$\frac{du_1}{dt} = f_1(t, u_1, u_2, \dots, u_m),$$



$$\frac{du_2}{dt} = f_2(t, u_1, u_2, \dots, u_m),$$

$\vdots$

$$\frac{du_m}{dt} = f_m(t, u_1, u_2, \dots, u_m).$$

untuk  $a \leq t \leq b$ , dengan kondisi awal

$$u_1(a) = \alpha_1, u_2(a) = \alpha_2, \dots, u_m(a) = \alpha_m$$

Sistem tersebut dibuktikan existensi dan ketunggalan solusi sistem dengan menggunakan definisi Lipschitz.

#### Definisi 2.4

Fungsi  $f\{(t, u_1, u_2, \dots, u_m) | a \leq t \leq b \text{ dan } -\infty < u_i < \infty, \forall i = 1, 2, \dots, m\}$

Dikatakan memenuhi kondisi Lipschitz di  $D$ , Jika terdapat sebuah konstanta  $L > 0$

$$|f(t, u_1, u_2, \dots, u_m) - f(t, z_1, z_2, \dots, z_m)| \leq L \sum_{j=1}^m |u_j - z_j|$$

Untuk semua  $(t, u_1, u_2, \dots, u_m)$  dan  $(t, z_1, z_2, \dots, z_m)$  di  $D$ .

(Burden.L dkk, 2011 )

Pada simulasi penelitian ini digunakan metode runge kutta

#### 2.7 Metode Runge Kutta

Metode Runge-Kutta merupakan metode penyelesaian numerik yang hanya membutuhkan satu nilai awal. Metode ini mencapai keakuratan dari suatu pendekatan deret Taylor tanpa memerlukan turunan tingkat tinggi sehingga banyak digunakan untuk menyelesaikan persamaan differensial. Metode ini mempunyai galat pemotongan  $h^4$ , sedangkan metode euler mempunyai galat  $h$ , metode Heun mempunyai galat  $h^2$ . Sehingga dapat dikatakan bahwa metode Runge-Kutta orde 4 adalah metode terbaik dengan nilai galat paling kecil daripada metode lainnya (Burden. L, dkk, 2011).

Misalkan  $\dot{S}(t), \dot{E}(t), \dot{I}(t), \dot{R}(t)$  adalah sistem PDB orde 1 dengan empat persamaan sebagai berikut



$$\begin{aligned}\dot{S}(t) &= f_1(t, S, E, I, R) \\ \dot{E}(t) &= f_2(t, S, E, I, R) \\ \dot{I}(t) &= f_3(t, S, E, I, R) \\ \dot{R}(t) &= f_4(t, S, E, I, R)\end{aligned}$$

yang memenuhi syarat awal

$S(t_0) = a_1, E(t_0) = a_2, I(t_0) = a_3, R(t_0) = a_4$  dan  $a \leq t \leq b$   
untuk menghitung  $S_{n+1}, E_{n+1}, I_{n+1}, R_{n+1}$

$$S_{n+1} = S_0 + \frac{1}{6} (k_{1,S} + 2k_{2,S} + 2k_{3,S} + k_{4,S})$$

$$E_{n+1} = E_0 + \frac{1}{6} (k_{1,E} + 2k_{2,E} + 2k_{3,E} + k_{4,E})$$

$$I_{n+1} = I_0 + \frac{1}{6} (k_{1,I} + 2k_{2,I} + 2k_{3,I} + k_{4,I})$$

$$R_{n+1} = R_0 + \frac{1}{6} (k_{1,R} + 2k_{2,R} + 2k_{3,R} + k_{4,R})$$

Dengan melakukan beberapa langkah:

Pertama, cari nilai  $k_{1,S}, k_{1,E}, k_{1,I}, k_{1,R}$  dengan memasukkan nilai awal pada fungsi

$$k_{1,S} = h f_1(t_0, S_0, E_0, I_0, R_0)$$

$$k_{1,E} = h f_2(t_0, S_0, E_0, I_0, R_0)$$

$$k_{1,I} = h f_3(t_0, S_0, E_0, I_0, R_0)$$

$$k_{1,R} = h f_4(t_0, S_0, E_0, I_0, R_0)$$

Kedua, setelah mendapatkan nilai  $k_{1,S}, k_{1,E}, k_{1,I}, k_{1,R}$  maka nilai tersebut digunakan untuk mendapatkan  $k_{2,S}, k_{2,E}, k_{2,I}, k_{2,R}$

$$k_{2,S} = h f_1\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{1,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{1,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{1,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{1,R}\right)$$

$$k_{2,E} = h f_2\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{1,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{1,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{1,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{1,R}\right)$$

$$k_{2,I} = h f_3\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{1,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{1,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{1,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{1,R}\right)$$

$$k_{2,R} = h f_4\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{1,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{1,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{1,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{1,R}\right)$$

Ketiga, setelah mendapatkan nilai  $k_{2,S}, k_{2,E}, k_{2,I}, k_{2,R}$  maka nilai tersebut digunakan untuk mendapatkan  $k_{3,S}, k_{3,E}, k_{3,I}, k_{3,R}$

$$k_{3,S} = h f_1\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{2,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{2,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{2,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{2,R}\right)$$



$$k_{3,E} = h f_2 \left( t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{2,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{2,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{2,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{2,R} \right)$$

$$k_{3,I} = h f_3 \left( t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{2,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{2,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{2,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{2,R} \right)$$

$$k_{3,R} = h f_4 \left( t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{1}{2} k_{2,S}, E_0 + \frac{1}{2} k_{2,E}, I_0 + \frac{1}{2} k_{2,I}, R_0 + \frac{1}{2} k_{2,R} \right)$$

Keempat, setelah mendapatkan nilai  $k_{3,S}, k_{3,E}, k_{3,I}, k_{3,R}$  maka nilai tersebut digunakan untuk mendapatkan  $k_{4,S}, k_{4,E}, k_{4,I}, k_{4,R}$

$$k_{4,S} = h f_1(t_0 + h, S_0 + k_{3,S}, E_0 + k_{3,E}, I_0 + k_{3,I}, R_0 + k_{3,R})$$

$$k_{4,E} = h f_2(t_0 + h, S_0 + k_{3,S}, E_0 + k_{3,E}, I_0 + k_{3,I}, R_0 + k_{3,R})$$

$$k_{4,I} = h f_3(t_0 + h, S_0 + k_{3,S}, E_0 + k_{3,E}, I_0 + k_{3,I}, R_0 + k_{3,R})$$

$$k_{4,R} = h f_4(t_0 + h, S_0 + k_{3,S}, E_0 + k_{3,E}, I_0 + k_{3,I}, R_0 + k_{3,R})$$

Dengan jarak antara titik-titik  $h = \frac{(b-a)}{N} = t_{i+1} - t_i$ ,  $N$  adalah banyaknya partisi (Burden.L dkk, 2011 ).



## **BAB 3**

### **METODE PENELITIAN**

Metode penelitian mempunyai tahapan-tahapan yang diuraikan untuk mencapai tujuan penelitian. Adapun tahapan-tahapan penelitian yang akan dilakukan adalah

#### **3.1 Tahapan Penelitian**

Berdasarkan rumusan masalah yang ada, maka langkah-langkah yang akan dilakukan pada penelitian ini adalah sebagai berikut.

##### **1. Studi literatur**

Pada tahap ini dilakukan kajian terhadap penelitian studi literatur dengan tujuan untuk mendalami, mencermati, dan mengidentifikasi pengetahuan yang menunjang penelitian ini. Literatur-literatur yang dipelajari berupa jurnal, paper, dan buku-buku yang berhubungan dengan model epidemi penyebaran penyakit antar wilayah, penyebaran penyakit multi spesies dan multi lintasan, sistem dinamik, titik kesetimbangan, bilangan reproduksi dasar, serta referensi lainnya yang mendukung penelitian ini.

##### **2. Konstruksi model**

Pada tahap ini dilakukan konstruksi model penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut bertipe SEIR. Adapun langkah-langkah dalam pembuatan model matematika penyebaran penyakit antar dua wilayah dengan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut bertipe SEIR adalah

- a. Menentukan objek yang diamati yaitu wilayah yang terinfeksi virus.
- b. Mengidentifikasi masalah berdasarkan fenomena-fenomena penyebaran penyakit yang terjadi pada populasi objek.

Berikut adalah beberapa fenomena penyakit yang menggambarkan model penyebaran penyakit tipe SEIR.



SARS adalah suatu jenis penyakit pernapasan akibat virus yang pertama kali terjadi di beberapa Asia. Penyakit ini kemudian menyebar ke Amerika dan Eropa. Para peneliti menemukan bahwa penyebabnya adalah sejenis virus yang termasuk dalam kelompok virus corona penyebab influenza biasa dari manusia yang masuk ke dalam tubuh binatang dan mengalami mutasi, kemudian menjadi virulen dan menginfeksi manusia yang memakannya. Virus SARS-CoV pertama kali berkembang di dalam tubuh hewan. Hal ini berdasarkan temuan pada tubuh musang. Pertama kali di Guangdong akhir November 2002, dalam dua bulan virus SARS menyebar ke berbagai kota di China bahkan sampai ke Negara-negara yang jauh dari daratan China, seperti Canada dan Singapura. Ini disebabkan karena adanya pedagang China masuk ke Negara. Di China musang dikonsumsi sebagai makanan. Selain itu WHO menyatakan bahwa virus itu menyerang binatang umumnya babi. Jika virus ini berasal dari babi maka pada manusia akan menyebabkan kelainan Gastro Enteritis. Jika berasal dari ayam, pada manusia akan menyebabkan bronchitis dan jika berasal dari tikus, pada manusia akan menyebabkan hepatitis. Gejala Penyakit SARS adalah demam dengan suhu tubuh lebih dari 38 derajat celcius, batuk kering, nafas pendek, sesak, sakit kepala, sakit otot, sakit tenggorokan, diare, gelisah, dan hilang selera makan. Gejala-gejala tersebut bisa terjadi selama 3-7 hari atau paling lama 10 hari. Cara penularan penyakit melalui kontak langsung dengan penderita SARS baik karena berbicara, terkena percikan batuk atau bersin. Penularan melalui udara, ventilasi, dalam satu kendaraan atau dalam satu gedung jika terjadi kontak langsung dengan si penderita. Tingkat penyebarannya sangat cepat melalui perorang, diperkirakan virus ini mempunyai kemampuan luar biasa yang dapat menulari sekaligus 300 orang lainnya.

Flu burung adalah penyakit menular yang disebabkan oleh virus influenza tipe A dan ditularkan oleh unggas. Virus influenza termasuk keluarga orthomyxoviridae. Penyakit flu burung yang disebabkan oleh virus avian influenza jenis H5N1 pada unggas di konfirmasi telah terjadi di Republik Korea, Vietnam, Jepang, Thailand, Kamboja, Taiwan, Laos, China, Indonesia dan Pakistan. Di Asia tenggara kebanyakan kasus flu burung



berasal dari migrasi burung dan transportasi unggas yang terinfeksi. Masa inkubasi virus flu burung pada unggas 1 minggu, sedangkan pada manusia 1 – 3 hari, masa infeksi 1 hari sebelum sampai 3 – 5 hari sesudah timbul gejala. Pada anak sampai 21 hari. Flu burung menular dari unggas ke unggas dan dari unggas ke manusia melalui air liur, lendir dari hidung dan faces. Penyakit ini dapat menular melalui udara yang tercemar virus H5N1 yang berasal dari kotoran atau sekreta burung atau unggas yang menderita flu burung. WHO telah mencatat sebanyak 310 kasus dengan 189 kematian pada manusia yang disebabkan virus ini diantaranya Indonesia mengalami 99 kasus dengan 79 kematian.

Virus Ebola adalah sejenis virus yang berasal dari keluarga Filoviridae, genus Ebolavirus. Ada 5 jenis virus Ebola yang telah teridentifikasi, yaitu: Virus Ebola (*Zaire ebolavirus*), Virus Sudan (*Sudan ebolavirus*), virus Tai Forest (*Tai Forest ebolavirus*), virus Bundibugyo, dan virus Reston. Virus ini dijumpai pada beberapa negara Afrika, dan pertamakali ditemukan di Kongo pada tahun 1976, di dekat sungai Ebola. Peneliti sejauh ini menduga kuat bahwa virus ini berasal dari hewan, utamanya kelelawar. Gejala penyakit Ebola adalah demam, sakit kepala berat, nyeri otot, lemah, lelah, diare, mual, sakit perut, dan perdarahan atau lebam pada kulit. Masa inkubasi virus Ebola sekitar 2 sampai 21 hari. Virus Ebola dapat menyebabkan pendarahan dengan tingkat kematian 70% dikarenakan rusaknya lapisan endothelium pembuluh darah sehingga menyebabkan pendarahan. Kerusakan ini tidak secara langsung disebabkan oleh virus Ebola, tetapi juga disebabkan oleh terlalu aktifnya sistem pertahanan tubuh dalam mengantisipasi keberadaan virus yang masuk ke dalam tubuh. Aktivitas sistem pertahanan yang berlebihan tersebut justru mengakibatkan rusaknya beberapa organ tubuh yang penting. Virus Ebola dapat menular melalui kontak langsung (melalui kulit rusak atau selaput lendir, misalnya, mata, hidung, atau mulut), dengan darah atau cairan tubuh (termasuk urin, air liur, keringat, tinja, muntah, ASI, dan air mani), atau melalui benda yang telah terkontaminasi dengan virus (seperti jarum suntik).

c. Membangun model matematika



Model pada penelitian ini dikonstruksi untuk menggambarkan penyebaran penyakit antar dua wilayah dan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut, dengan tujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit pada masing-masing wilayah dan pada lintasan yang menghubungkan 2 wilayah.

Model penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan melalui beberapa lintasan yang menghubungkan dua wilayah bertipe SEIR sebagai berikut

$$\frac{d(S_{ik})_j}{dt} = f \left( \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j, \sum_{q=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p, (d_{ik})_j (N_{ik})_j \right)$$

$$i = 1, 2 . j = 1, 2 . k = 1, 2$$

Artinya laju perubahan subpopulasi *susceptible* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ , dipengaruhi atau bergantung kepada banyaknya individu *susceptible* yang bergerak dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  melakukan kontak dengan subpopulasi *infected* dari wilayah  $p$  ke wilayah  $q$  melalui lintasan  $j$ , banyaknya individu *susceptible* melakukan *travel* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $p$  pindah ke lintasan  $j$ , dan kelahiran individu dari setiap subpopulasi yang memiliki kekebalan alami.

$$\frac{d(E_{ik})_j}{dt} = f \left( \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j, \sum_{q=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p, (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j \right)$$

$$i = 1, 2 . j = 1, 2 . k = 1, 2$$

Artinya laju perubahan subpopulasi *Exposed* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ , dipengaruhi atau bergantung kepada banyaknya individu *susceptible* yang bergerak dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  melakukan kontak dengan individu *infected* dari wilayah  $p$  ke wilayah  $q$  melalui lintasan  $j$ , banyaknya individu *exposed* yang melakukan *travel* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $p$  pindah ke lintasan  $j$ , selain itu juga bergantung kepada tingkat transisi individu *exposed* menjadi individu *infected*.



$$\frac{d(I_{ik})_j}{dt} = f((\varphi_{ik})_j(I_{ik})_j, (d_{ik})_j(I_{ik})_j) \quad i = 1, 2 \quad j = 1, 2 \quad k = 1, 2$$

Artinya laju perubahan subpopulasi *Infected* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ , dipengaruhi atau bergantung kepada tingkat transisi individu *infected* menjadi individu *recovered*, kematian dari individu *infected* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ .

$$\frac{d(R_{ik})_j}{dt} = f\left((d_{ik})_j(R_{ik})_j, \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp}(R_{ik})_j, \right) \\ i = 1, 2 \quad j = 1, 2 \quad k = 1, 2$$

Artinya laju perubahan subpopulasi *Recovered* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ , dipengaruhi atau bergantung kepada banyaknya individu *Recovered* yang melakukan travel dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  pindah ke lintasan  $p$ , selain itu juga bergantung kepada kematian individu *Recovered*.

d. Kondisi awal dan batas

Diberikan kondisi nilai awal sebagai berikut.

$$(S_{ik})_j(0) = (S_{ik})_{j(0)}, (E_{ik})_j(0) = (E_{ik})_{j(0)}, (I_{ik})_j(0) = (I_{ik})_{j(0)}, \\ (R_{ik})_j(0) = (R_{ik})_{j(0)}$$

dengan kondisi batas pada model ini, penyebaran virus hanya terjadi dari manusia ke manusia, dan pada penelitian ini individu *susceptible*, *exposed*, *recovery* dapat melakukan perjalanan.

### 3. Analisis dinamik pada suatu sistem model epidemik SEIR

Pada tahap ini dilakukan analisis dinamik pada sistem model epidemik SEIR yang telah dikonstruksi, yaitu pencarian titik kesetimbangan, mencari  $\mathcal{R}_0$  pada masing-masing wilayah, dan  $\mathcal{R}_0$  pada lintasan. Menganalisa kestabilan bebas penyakit dan endemik pada masing-masing wilayah dan pada lintasan berdasarkan  $\mathcal{R}_0$ . Selain itu mengetahui sumber virus berdasarkan nilai-nilai parameter pada  $\mathcal{R}_0$ .

### 4. Simulasi model

Pada tahap ini dilakukan beberapa kegiatan yang didasari pada point 2, yaitu:



a. Simulasi model

Simulasi model dilakukan dengan menggunakan metode numerik Runge – Kutta orde 4 dengan menggunakan bantuan *software* Matlab 2010 untuk menguji hasil analisis , melihat pengaruh dari parameter dan untuk mengetahui penyebaran penyakit.

b. Dokumentasi hasil simulasi

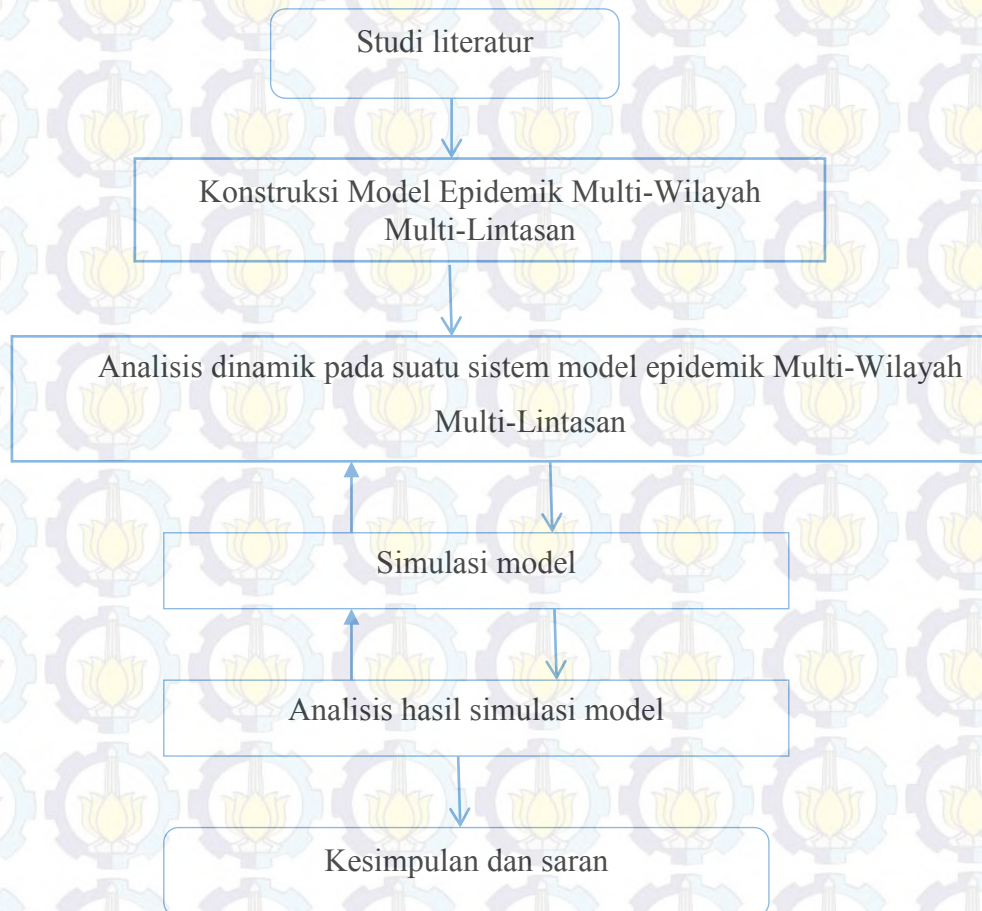
c. Analisis hasil dan kesimpulan

Hasil yang diperoleh dari beberapa simulasi yang dilakukan dianalisis dan dibahas, untuk kemudian dicari solusi yang terbaik dari penyebaran penyakit menular antar dua wilayah dengan melalui dua lintasan yang menghubungkan dua wilayah.

5. Penyusunan tesis



Berikut ini akan dijelaskan langkah-langkah penyusunan tesis menggunakan diagram alir pada Gambar 3.1



**Gambar 3.1** Diagram Alir



## BAB 4

### PEMBAHASAN

Pada bab ini dikonstruksi tiga model epidemik, yaitu model epidemik pada wilayah satu, model epidemik pada wilayah dua, dan model epidemik pada lintasan yang menghubungkan dua wilayah tersebut. Setiap model tersebut dilakukan analisa titik setimbang bebas penyakit, bilangan reproduksi dasar ( $\mathcal{R}_0$ ) yang bertujuan untuk mengetahui terjadinya aliran virus. Berdasarkan  $\mathcal{R}_0$  pada setiap model yang diperoleh dapat dilakukan analisa kestabilan bebas penyakit dan endemik. Selain itu dilakukan analisa eksistensi atau ketunggalan pada setiap model, sehingga diketahui bahwa setiap model memiliki penyelesaian tunggal, ada dan juga sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan. Kemudian setiap model dilakukan penyelesaian numerik dengan menggunakan metode Runge-Kutta orde empat dan diilustrasikan menggunakan *software* Matlab.

#### 4.1 Model Pada Wilayah Satu

Model pada wilayah satu adalah model yang menggambarkan terjadinya penyebaran virus pada wilayah satu. Model ini dikonstruksi berdasarkan fenomena-fenomena yang terjadi pada wilayah satu yang bertujuan untuk mengetahui penyebaran virus pada wilayah satu.

##### 4.1.1 Konstruksi Model Pada Wilayah Satu

Populasi di wilayah satu terbagi menjadi empat subpopulasi berdasarkan kondisi kesehatan individu, yaitu subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovery*. Subpopulasi *susceptible* ( $S_1$ ) merupakan kumpulan individu sehat ( $s_i$ ) di wilayah satu. Subpopulasi *exposed* ( $E_1$ ) merupakan kumpulan individu masih dalam masa inkubasi ( $e_i$ ) di wilayah satu. Subpopulasi *infected* ( $I_1$ ) merupakan kumpulan individu terinfeksi virus ( $i_i$ ) di wilayah satu. Subpopulasi *recovery* ( $R_1$ ) merupakan kumpulan individu sembuh dari suatu infeksi virus ( $r_i$ ) di wilayah satu.

Setiap individu *susceptible*, *exposed*, dan *recovery* dari wilayah satu dapat melakukan *travelling* ke wilayah dua, begitu sebaliknya individu *susceptible*,



*exposed*, dan *recovery* dari wilayah dua dapat melakukan *travelling* ke wilayah satu. Individu *susceptible*, *exposed*, dan *recovery* dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu menjadi individu *susceptible*, *exposed*, dan *recovery* di wilayah satu. Individu *infected* tidak dapat melakukan *travelling* ke wilayah lain karena individu *infected* terisolasi dalam wilayah masing-masing.

Penyebaran virus dapat terjadi karena individu *exposed* dari wilayah dua mengalami keadaan transisi menjadi individu *infected* saat dilintasi. Sehingga ketika individu *exposed* masuk wilayah satu tidak lagi sebagai individu *exposed* melainkan menjadi individu *infected*. Penyebaran virus terjadi saat individu *susceptible* bergerak dan memiliki peluang untuk bertemu dengan individu *infected* di wilayah satu. Setiap subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected* dan *recovery* di wilayah satu mengalami perubahan setiap waktunya. Berikut ini akan dijelaskan laju perubahan setiap subpopulasi.

a. Laju Perubahan Subpopulasi Susceptible

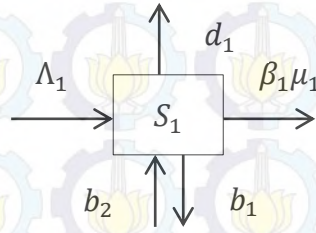
Laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu dipengaruhi oleh laju populasi kelahiran di wilayah satu sebesar  $\Lambda_1$  per satuan waktu. *Rate travelling* per satuan waktu sebesar  $b_2$  yang dilakukan oleh  $s_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu yang menjadi individu di wilayah satu, sedemikian hingga jumlah dari individu-individu tersebut per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 s_i = b_2 S_2$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *susceptible* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *susceptible* dapat berkurang per satuan waktu karena adanya *rate* kematian dari individu  $s_i$  per satuan waktu sebesar  $d_1$  sedemikian hingga jumlah dari individu-individu tersebut per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n d_1 s_i = d_1 S_1$ . *Rate travelling* yang dilakukan oleh  $s_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu sebesar  $b_1$ . Sedemikian hingga jumlah dari individu-individu tersebut per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 s_i = b_1 S_1$ . Selain itu karena adanya  $s_i$  bergerak dan memiliki peluang untuk bertemu dengan  $i_i$  di wilayah satu, sehingga terjadi interaksi antara  $(s_i, i_i)$  yang mengakibatkan adanya transmisi virus dari  $i_i$  ke  $s_i$  dalam selang waktu  $t \in [t_1, t_2]$  sebesar  $\beta_1$ .  $\beta_1$  merupakan *rate* transmisi virus dari individu *infected* kepada



individu *susceptible* per satuan waktu dan rata-rata banyaknya pertemuan  $s_i$  dengan  $i_i$  sebesar  $\mu_1$ .  $\mu_1$  merupakan parameter non dimensional. Sedemikian hingga jumlah dari individu *susceptible* yang melakukan kontak dengan *infected* per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \beta_1 \mu_1 \frac{s_i}{N_1} i_i = \beta_1 \mu_1 \frac{s_1}{N_1} I_1$

Sehingga diagram laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu seperti Gambar 4.1.



Gambar 4.1 Diagram subpopulasi *susceptible* di wilayah satu

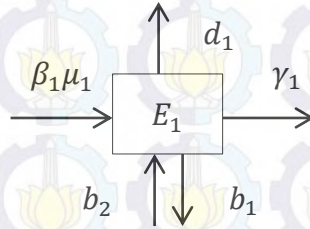
b. Laju Perubahan Subpopulasi Exposed

Laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu dipengaruhi oleh perubahan status  $s_i$  menjadi  $e_k$  karena interaksi antara  $(s_i, i_i) \approx e_k$  yang mengakibatkan transmisi virus dari  $i_i$  ke  $s_i$  sebesar  $\beta_1$  dalam selang waktu  $t \in [t_1, t_2]$ .  $\beta_1$  merupakan rate transmisi virus dari individu *infected* kepada individu *susceptible* per satuan waktu dan rata-rata banyaknya pertemuan  $s_i$  dengan  $i_i$  sebesar  $\mu_1$ .  $\mu_1$  merupakan parameter non dimensional. Sedemikian hingga jumlah dari individu *susceptible* yang melakukan kontak dengan *infected* per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \beta_1 \mu_1 \frac{s_i}{N_1} i_i = \beta_1 \mu_1 \frac{s_1}{N_1} I_1$ . Selain itu adanya *rate travelling* individu  $e_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu per satuan waktu sebesar  $b_2$ , sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 e_i = b_2 E_2$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *exposed* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *exposed* dapat berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian dari individu  $e_i$  per satuan waktu sebesar  $d_1$  sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n d_1 e_i = d_1 E_1$ . *Rate* transisi perubahan status individu  $e_i$  menjadi  $i_k$  per satuan waktu sebesar  $\gamma_1$  sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \gamma_1 e_i = \gamma_1 E_1$ . Selain itu *rate travelling* yang dilakukan



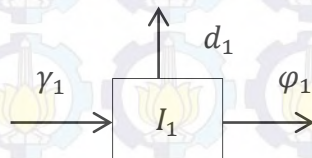
oleh  $e_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu sebesar  $b_1$ . Sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 e_i = b_1 E_1$ . Sehingga diagram laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu seperti Gambar 4.2.



Gambar 4.2 Diagram subpopulasi *exposed* di wilayah satu

c. Laju Perubahan Subpopulasi Infected

Laju perubahan subpopulasi *infected* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate* transisi sebesar  $\gamma_1$  menyatakan perubahan status individu  $e_i$  menjadi  $i_k$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \gamma_1 e_i = \gamma_1 E_1$ . Hal tersebut dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *infected* bertambah per satuan waktu. Namun jumlah individu subpopulasi *infected* berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian individu  $i_i$  per satuan waktu sebesar  $d_1$ , sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n d_1 i_i = d_1 I_1$ . Selain itu adanya *rate* transisi sebesar  $\varphi_1$  menyatakan perubahan status individu  $i_i$  menjadi  $r_k$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \varphi_1 i_i = \varphi_1 I_1$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *infected* per satuan waktu seperti Gambar 4.3.



Gambar 4.3 Diagram subpopulasi *infected* di wilayah satu

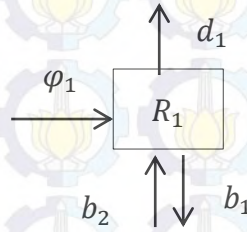
d. Laju Perubahan Subpopulasi Recovery

Laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate* transisi sebesar  $\varphi_1$  yang merupakan perubahan status individu  $i_i$  menjadi  $r_k$



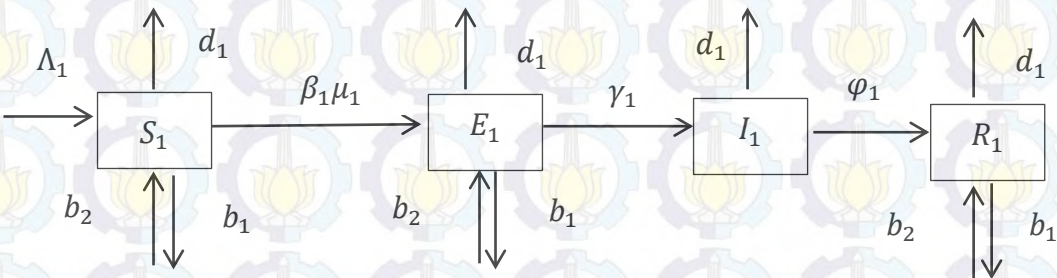
per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \varphi_1 i_i = \varphi_1 I_1$ . Selain itu adanya *rate travelling* sebesar  $b_2$  yang dilakukan oleh  $r_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 r_i = b_2 R_2$ . Hal tersebut dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *recovery* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *recovery* berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian sebesar  $d_1$  dari individu  $r_i$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n d_1 r_i = d_1 R_1$ . Selain itu adanya *rate travelling* sebesar  $b_1$  yang dilakukan oleh  $r_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 r_i = b_1 R_1$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu seperti Gambar 4.4.



Gambar 4.4 Diagram subpopulasi *recovery* di wilayah satu

Berdasarkan Gambar diagram subpopulasi (4.1), (4.2), (4.3), (4.4) dapat dibentuk diagram kompartemen untuk menggambarkan penyebaran virus pada populasi di wilayah satu sebagai berikut:



Gambar 4.5. Diagram Kompartemen pada wilayah 1

Berdasarkan Gambar 4.5 dapat dibentuk suatu sistem model epidemik pada wilayah satu sebagai berikut:



$$\begin{aligned}
\frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + b_2 S_2 \\
\frac{dE_1}{dt} &= \mu_1 \beta_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + b_2 E_2 \\
\frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 \\
\frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + b_2 R_2
\end{aligned}$$

Pada model wilayah satu terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *recovery* yang tidak hanya berasal dari wilayah satu melainkan juga dari wilayah dua. Diasumsikan sebelumnya bahwa individu dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu menjadi populasi di wilayah satu  $s_2 \approx s_1$ . Misalkan  $\sigma_1$  adalah proporsi subpopulasi *susceptible* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *susceptible* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu  $b_2 S_2$  adalah  $\sigma_1 S_1$ . Misalkan  $\sigma_2$  adalah proporsi subpopulasi *exposed* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *exposed* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu  $b_2 E_2$  adalah  $\sigma_2 E_1$ . Misalkan  $\sigma_3$  adalah proporsi subpopulasi *recovery* dari wilayah dua yang menjadi populasi di wilayah satu. Maka proporsi subpopulasi *recovery* yang berasal dari wilayah dua yang melakukan *travelling* ke wilayah satu dan menjadi populasi di wilayah satu  $b_2 R_2$  adalah  $\sigma_3 R_1$ . Oleh karena itu model menjadi

$$\begin{aligned}
\frac{dS_1}{dt} &= \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1 \\
\frac{dE_1}{dt} &= \mu_1 \beta_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1 \\
\frac{dI_1}{dt} &= \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 \\
\frac{dR_1}{dt} &= \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1
\end{aligned} \tag{4.1}$$

Dengan kondisi awal yaitu

$$S_1(0) = S_{1(0)}, E_1(0) = E_{1(0)}, I_1(0) = I_{1(0)}, R_1(0) = R_{1(0)},$$

dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S_1(t) = S_{maks}$$



$$\frac{\partial^2 I_1}{\partial x^2} < 0, I_1 \text{ bergerak hanya sampai dengan } L_1$$

Total populasi pada wilayah satu yaitu

$$N_1(t) = S_1(t) + E_1(t) + I_1(t) + R_1(t), \quad S_1(t), E_1(t), I_1(t), R_1(t) > 0$$

Berikut ini keterangan untuk model wilayah satu:

$S_1$  : Subpopulasi *Susceptible* di wilayah 1

$E_1$  : Subpopulasi *Exposed* di wilayah 1

$I_1$  : Subpopulasi *Infected* di wilayah 1

$R_1$  : Subpopulasi *Recovery* di wilayah 1

$N_1$  : Total populasi pada wilayah 1

$\Lambda_1$  : Populasi kelahiran pada wilayah 1 per satuan waktu

$b_2$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 ke wilayah 1 dan menjadi individu di wilayah 1 per satuan waktu

$b_1$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 ke wilayah 2 per satuan waktu

$d_1$  : *Rate* kematian individu di wilayah 1 per satuan waktu

$\gamma_1$  : *Rate* transisi subpopulasi *exposed* menjadi subpopulasi *infected* di wilayah 1 per satuan waktu

$\varphi_1$  : *Rate* transisi subpopulasi *infected* menjadi subpopulasi *Recovery* di wilayah 1 per satuan waktu

$\beta_1$  : *Rate* transmisi virus saat individu *susceptible* bergerak dan memiliki peluang bertemu dengan individu *infected* di wilayah 1 per satuan waktu

$\mu_1$  : Rata-rata banyaknya pertemuan individu *susceptible* bertemu dengan individu *infected* di wilayah 1

#### 4.1.2 Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Titik keseimbangan model epidemik pada wilayah satu adalah titik yang diperoleh ketika Sistem(4.1) berada pada keadaan setimbang. Keadaan setimbang adalah keadaan dimana perubahan populasi sepanjang waktu adalah nol. Titik keseimbangan bebas penyakit adalah suatu keadaan tidak terjadi penyebaran virus dalam suatu populasi sehingga  $I_1 = 0$ .

Titik keseimbangan bebas penyakit diperoleh ketika sistem



$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dR}{dt} = 0.$$

Sehingga diperoleh titik setimbang dari Sistem (4.1) sebagai berikut:

$$\frac{dI_1}{dt} = \gamma_1 E_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1 = 0$$

diperoleh  $E_1 = 0$  untuk  $\gamma_1 > 0$  dan  $d_1 + \varphi_1 > 0$

$$\frac{dR_1}{dt} = \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1 = 0$$

diperoleh  $R_1 = 0$  untuk  $d_1 + b_1 - \sigma_3 > 0$

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1 = 0$$

diperoleh  $S_1 = \frac{\Lambda_1}{(d_1 + b_1 - \sigma_1)}$

Titik kesetimbangan bebas penyakit pada wilayah satu adalah

$$(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*) = \left( \frac{\Lambda_1}{(d_1 + b_1 - \sigma_1)}, 0, 0, 0 \right)$$

#### 4.1.3 Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah Satu

Bilangan reproduksi dasar merupakan parameter yang digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu virus pada wilayah satu.  $\mathcal{R}_0$  dari Sistem (4.1) dapat dicari dengan mengasumsikan populasi dikelompokkan kedalam empat kompartemen. Diberikan  $x = (S_1, E_1, I_1, R_1)^T$  dengan  $S_1, E_1, I_1, R_1 \geq 0$  dan  $X_s$  adalah himpunan state yang tidak nol saat bebas penyakit dan didefinisikan sebagai berikut

$$X_s = \{S_1 > 0 | E_1 = 0, I_1 = 0, R_1 = 0\}$$

Untuk menghitung nilai dari  $\mathcal{R}_0$  didefinisikan  $\mathcal{F}_i(x)$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $i$ , sedangkan  $\mathcal{V}_i^-(x)$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $i$  dan  $\mathcal{V}_i^+(x)$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $i$ . Model penyebaran penyakit memiliki kondisi awal non negatif dengan persamaan sistem sebagai berikut.

$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n$  dengan  $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$ . dari Sistem (4.1) didapatkan

$$\mathcal{F}_i = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4)^T$$

dengan  $\mathcal{F}_1$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $E_1$



$\mathcal{F}_2$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $I_1$

$\mathcal{F}_3$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $R_1$

$\mathcal{F}_4$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $S_1$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = \begin{pmatrix} \mathcal{F}_1 \\ \mathcal{F}_2 \\ \mathcal{F}_3 \\ \mathcal{F}_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Selain itu, dari Sistem (4.1) didapatkan

$$\mathcal{V}_i^-(x) = (\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-)^T$$

dengan  $\mathcal{V}_1^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $E_1$

$\mathcal{V}_2^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $I_1$

$\mathcal{V}_3^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $R_1$

$\mathcal{V}_4^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $S_1$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^- \\ \mathcal{V}_2^- \\ \mathcal{V}_3^- \\ \mathcal{V}_4^- \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (b_1 + d_1 + \gamma_1)E_1 \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 \\ (d_1 + b_1)R_1 \\ (b_1 + d_1)S_1 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan

$$\mathcal{V}_i^+(x) = (\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+)^T$$

dengan  $\mathcal{V}_1^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $E_1$

$\mathcal{V}_2^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $I_1$

$\mathcal{V}_3^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $R_1$

$\mathcal{V}_4^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $S_1$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^+ \\ \mathcal{V}_2^+ \\ \mathcal{V}_3^+ \\ \mathcal{V}_4^+ \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_2 E_1 \\ \gamma_1 E_1 \\ \varphi_1 I_1 + \sigma_3 R_1 \\ \sigma_1 S_1 + \Lambda_1 \end{pmatrix}$$

Dengan persamaan sistem berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002) sebagai berikut.

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n \text{ dengan } \mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x).$$



didapatkan

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{pmatrix} (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)E_1 \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 - \gamma_1 E_1 \\ (d_1 + b_1 - \sigma_3)R_1 - \varphi_1 I_1 \\ (b_1 + d_1 - \sigma_1)S_1 - \Lambda_1 \end{pmatrix} \quad (4.2)$$

yang harus memenuhi asumsi - asumsi berikut (Driessche & Wetmough, 2002).

1. Jika  $S_1, E_1, I_1, R_1 \geq 0$ , maka  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^-(x), \mathcal{V}_i^+(x) \geq 0$  untuk  $i = 1, \dots, 4$ .

Artinya individu pada subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovery* ada dan apabila terjadi kontak individu *susceptible* dengan individu *infected* maka dapat memunculkan individu *infected* baru dan mengakibatkan perubahan pada masing-masing subpopulasi. Sehingga  $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-, \mathcal{V}_i^+$  dari model terpenuhi, yaitu sebagai berikut:

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ dengan } \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \geq 0$$

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} (b_1 + d_1 + \gamma_1)E_1 \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 \\ (d_1 + b_1)R_1 \\ (b_1 + d_1)S_1 \end{pmatrix} \text{ dengan } (b_1 + d_1 + \gamma_1)E_1 \geq 0, \\ (d_1 + \varphi_1)I_1 \geq 0, (d_1 + b_1)R_1 \geq 0, (b_1 + d_1)S_1 \geq 0$$

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \sigma_2 E_1 \\ \gamma_1 E_1 \\ \varphi_1 I_1 + \sigma_3 R_1 \\ \sigma_1 S_1 + \Lambda_1 \end{pmatrix} \text{ dengan } \sigma_2 E_1 \geq 0, \gamma_1 E_1 \geq 0, (\varphi_1 I_1 + \sigma_3 R_1) \geq 0 \\ (\sigma_1 S_1 + \Lambda_1) \geq 0,$$

2. Jika  $I_1, E_1 = 0$  maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$ . Secara khusus, jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$  untuk  $i = 1, \dots, 4$ .

Artinya jika subpopulasi *infected* dan *exposed* kosong, maka tidak ada individu yang keluar dari kompartemen melalui infeksi dan kematian.

$$d_1 I_1, \varphi_1 I_1, \gamma_1 E_1, d_1 E_1, b_1 E_1 = 0$$

3.  $\mathcal{F}_i = 0$ , jika  $i > m$  dengan  $i = 4$  dan  $m = 2$ .



Artinya jika munculnya infeksi baru adalah nol maka subpopulasi  $E_1, I_1 = 0$ . Dengan kata lain tidak terjadi munculnya infeksi baru yang diakibatkan oleh individu *infected* maka tidak ada pula individu dalam keadaan *exposed*.

4. Jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  dan  $\mathcal{V}_i^+ = 0$  untuk  $i = 1, \dots, m$ .

Artinya jika populasi dalam keadaan bebas penyakit maka tidak muncul infeksi baru yang disebabkan oleh individu *infected* dan tidak ada perpindahan individu masuk menjadi subpopulasi *infected*.

$$E_1, I_1 = 0$$

5. Didefinisikan DFE adalah titik kesetimbangan bebas penyakit, dengan  $f$  terbatas ke  $X_s$ . Jika populasi ada disekitar DFE, maka populasi akan kembali ke DFE menurut linearisasi sistem:

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \text{ dengan } Df(x_0) = \frac{\partial f_i}{\partial x_j}$$

Setelah memenuhi 5 asumsi maka Persamaan (4.2) dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah  $E_1$  dan  $I_1$  maka  $m = 2$ . Dengan titik setimbang  $E_1 = 0, I_1 = 0$  dan dapat dibentuk kedalam titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu  $(S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*) = \left( \frac{\Lambda_1}{(d_1 + b_1 - \sigma_1)}, 0, 0, 0 \right)$ , dengan menggunakan Lemma 2.1 didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 \text{ dan } \mathcal{F}_2 = 0, \text{ dengan } N_1 = S_1 + E_1 + I_1 + R_1$$

$$\mathcal{V}_1 = (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)E_1 \text{ dan } \mathcal{V}_2 = (d_1 + \varphi_1)I_1 - \gamma_1 E_1$$

Maka matriks  $F$  adalah

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned} \frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} &= \frac{(0 \times N_1) - (1 \times \beta_1 \mu_1 S_1 I_1)}{(N_1)^2} \\ &= 0 \end{aligned}$$



$$\begin{aligned}\frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} &= \frac{(\beta_1 \mu_1 S_1 \times N_1) - (1 \times \beta_1 \mu_1 S_1 I_1)}{(N_1)^2} \\ &= \beta_1 \mu_1 \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} &= 0; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} = 0\end{aligned}$$

Sehingga

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_1 \mu_1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan matriks  $V$  adalah

$$\begin{aligned}V &= \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_1} \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2 & 0 \\ -\gamma_1 & d_1 + \varphi_1 \end{pmatrix}\end{aligned}$$

dengan  $F$  non negatif dan  $V$  merupakan M-matriks *non-singular*.

Berdasarkan Definisi 2.2 (Berman & Plemmons, 1979,  $M_{35}$ , p. 127). Matriks  $V$  merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika sebuah matriks  $V$  berukuran  $2 \times 2$  menunjukkan bentuk  $V = sI - B$ . Dimana  $s > \rho(B)$ ,  $\rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , dengan  $s = \varphi_1 + (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)$  dan  $B = \begin{pmatrix} \varphi_1 & 0 \\ \gamma_1 & b_1 + \gamma_1 - \sigma_2 \end{pmatrix}$ .

Akan ditunjukkan bahwa  $s > \rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , sebagai berikut

$$\begin{aligned}|B - \lambda I| &= 0 \\ \begin{vmatrix} \varphi_1 - \lambda & 0 \\ \gamma_1 & b_1 + \gamma_1 - \sigma_2 - \lambda \end{vmatrix} &= 0 \\ (\varphi_1 - \lambda)(b_1 + \gamma_1 - \sigma_2 - \lambda) &= 0\end{aligned}$$

didapatkan  $\lambda_1 = \varphi_1$  dan  $\lambda_2 = b_1 + \gamma_1 - \sigma_2$

dengan

$$\rho(B) = \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\}$$

Nilai  $\rho(B)$  memiliki 2 kemungkinan yaitu

1. jika  $\lambda_1 > \lambda_2$  maka



$$\begin{aligned}\rho(B) &= \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\} \\ &= \lambda_1 \\ &= \varphi_1\end{aligned}$$

terbukti bahwa  $s > \rho(B)$ , dengan  $s = \varphi_1 + (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)$

2. jika  $\lambda_2 > \lambda_1$  maka

$$\begin{aligned}\rho(B) &= \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\} \\ &= \lambda_2 \\ &= b_1 + \gamma_1 - \sigma_2\end{aligned}$$

Terbukti bahwa  $s > \rho(B)$ , dimana  $s = \varphi_1 + (b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)$

berdasarkan dua kemungkinan tersebut, terbukti bahwa  $s > \rho(B)$  sehingga matriks  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular. Setelah dibuktikan  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002). Berikutnya dicari invers matriks  $V$  sebagai berikut.

$$\begin{aligned}V &= \begin{pmatrix} b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2 & 0 \\ -\gamma_1 & d_1 + \varphi_1 \end{pmatrix} \\ V^{-1} &= \frac{1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} \begin{pmatrix} d_1 + \varphi_1 & 0 \\ \gamma_1 & b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} \frac{1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)} & 0 \\ \frac{\gamma_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} & \frac{1}{(d_1 + \varphi_1)} \end{pmatrix}\end{aligned}$$

Setelah didapatkan matriks  $V^{-1}$ , kemudian dibentuk matriks generasi selanjutnya yaitu

$$\begin{aligned}FV^{-1} &= \begin{pmatrix} 0 & \beta_1\mu_1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)} & 0 \\ \frac{\gamma_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} & \frac{1}{(d_1 + \varphi_1)} \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} \frac{\gamma_1\beta_1\mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} & \frac{\beta_1\mu_1}{(d_1 + \varphi_1)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}\end{aligned}$$

Kemudian dicari nilai eigen dari  $FV^{-1}$  sebagai berikut

$$|FV^{-1} - \lambda I| = 0$$



$$\left| \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} - \lambda \right| = 0$$

$$- \lambda \left( \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} - \lambda \right) = 0$$

didapatkan  $\lambda_1 = 0$  ,  $\lambda_2 = \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)}$

Sehingga bilangan reproduksi dasar dari operator generasi selanjutnya, yaitu

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_{0_1} &= \rho(FV^{-1}) \\ &= \max \{ |\lambda_1|, |\lambda_2| \} \\ &= \max \{ |0|, |\lambda_2| \} \\ &= \lambda_2 \\ &= \frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} \end{aligned}$$

Berdasarkan Teorema 2.1 Jika  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal, jika  $\mathcal{R}_{0_1} > 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil.

Sehingga untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$  yaitu dimana kondisi pada suatu wilayah dalam keadaan bebas penyakit maka

$$\frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} < 1$$

dengan

$$(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1) > 0$$

untuk  $(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2) > 0$  dan  $(d_1 + \varphi_1) > 0$

dan untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_1} > 1$  yaitu dimana kondisi pada suatu wilayah dalam keadaan endemik maka

$$\frac{\gamma_1 \beta_1 \mu_1}{(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1)} > 1$$

dengan

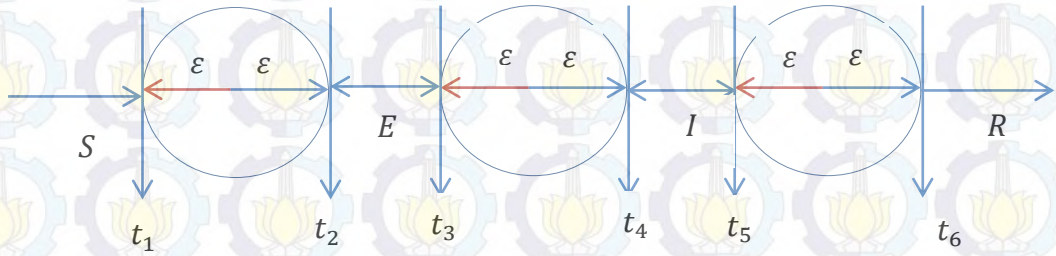
$$(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2)(d_1 + \varphi_1) > 0$$

Untuk  $(b_1 + d_1 + \gamma_1 - \sigma_2) > 0$  dan  $(d_1 + \varphi_1) > 0$



#### 4.1.4 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan

Analisis ini bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian ada dan tunggal. Selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan. Sebelum dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dilakukan penyederhanaan sistem terlebih dahulu pada Sistem Persamaan (4.1). Penyederhanaan sistem dilakukan dalam rangka untuk menekankan terjadinya evolusi model pada subpopulasi yang diamati. Berikut ini diagram yang menggambarkan perubahan status dari individual



Gambar 4.6. Diagram perubahan status dari individual *susceptible*.

a. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  maka interaksi yang terjadi antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*. Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$  interaksi individual  $(s_j, i_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$ . yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proporsional sebesar  $p_1$ . Dimana  $0 < p_1 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $(s_j, i_j) \approx e_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1$  adalah  $p_1 E_1$  ekuivalen dengan  $(1 - p_1) S_1$ .



Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $(s_j, i_j) \approx s_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi

$\beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1$  adalah  $p_1 S_1$  ekuivalen dengan  $(1 - p_1) E_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1$  sebesar  $p_1 E_1$  dan  $(1 - p_1) S_1$  dimana  $0 < p_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $s_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $s_i$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*. Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{S_1}{N_1} I_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1$$

menjadi

$$\frac{dS_1}{dt} = \Lambda_1 - d_1 S_1 - (1 - p_1) S_1 - b_1 S_1 + \sigma_1 S_1 \quad (4.3)$$

b. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dE_1}{dt} = p_1 E_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1$$

Pada waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$ . yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $q_1$ . Dimana  $0 < q_1 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_j) \approx i_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $\gamma_1 E_1$  adalah  $q_1 I_1$  ekuivalen dengan  $(1 - q_1) E_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_j) \approx e_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $\gamma_1 E_1$  adalah  $q_1 E_1$  ekuivalen dengan  $(1 - q_1) I_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\gamma_1 E_1$  sebesar  $q_1 I_1$  dan  $(1 - q_1) E_1$  dimana  $0 < q_1 < 1$  sebagai proporsi artinya



bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $e_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $e_i$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.

Oleh karena itu model peramaan berikut

$$\frac{dE_1}{dt} = p_1 E_1 - (d_1 + \gamma_1) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1$$

menjadi

$$\frac{dE_1}{dt} = p_1 E_1 - (d_1 + (1 - q_1)) E_1 - b_1 E_1 + \sigma_2 E_1 \quad (4.4)$$

c. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dI_1}{dt} = q_1 I_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1$$

Individu *infected* pada interval waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan tubuh individual  $(i_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $u_1$ . Dimana  $0 < u_1 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_j) \approx r_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $\varphi_1 I_1$  adalah  $u_1 R_1$  ekuivalen dengan  $(1 - u_1) I_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_j) \approx i_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus di populasi  $\varphi_1 I_1$  adalah  $u_1 I_1$  ekuivalen dengan  $(1 - u_1) R_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\varphi_1 I_1$  sebesar  $u_1 R_1$  dan  $(1 - u_1) I_1$  dimana  $0 < u_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $i_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $i_i$  yang kontinu sebagai individu *infected*.

Oleh karena itu model peramaan berikut

$$\frac{dI_1}{dt} = q_1 I_1 - d_1 I_1 - \varphi_1 I_1$$

menjadi

$$\frac{dI_1}{dt} = q_1 I_1 - d_1 I_1 - (1 - u_1) I_1 \quad (4.5)$$



dan persamaan

$$\frac{dR_1}{dt} = \varphi_1 I_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1$$

menjadi

$$\frac{dR_1}{dt} = u_1 R_1 - d_1 R_1 - b_1 R_1 + \sigma_3 R_1 \quad (4.6)$$

Selanjutnya setelah didapatkan Persamaan (4.3) sampai (4.6) yang telah direduksi berdasarkan evolusi virus yang terjadi di tubuh individual akan dilakukan pembuktian bahwa sistem memiliki penyelesaian dan tunggal dengan mencari konstanta *Lipschitz* berdasarkan teorema berikut

Terdapat konstanta *Lipschitz*  $k(t)$  yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap  $t \in R$ .

Bukti :

Misalkan sistem berbentuk  $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t)$ ,  $X(0) = X_0$ , dengan  $X \in \mathbb{R}^4$

dan  $t \in \mathbb{R}^+$ . dengan  $X = \{S, E, I, R\} \in \mathbb{R}^4$  maka

Persamaan (4.3), (4.4), (4.5) dan (4.6) dapat dinyatakan dalam bentuk

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\frac{dS_1}{dt} = f(S_1(t), t);$$

$$\frac{dE_1}{dt} = f(E_1(t), t);$$

$$\frac{dI_1}{dt} = f(I_1(t), t);$$

$$\frac{dR_1}{dt} = f(R_1(t), t).$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan  $X$  kontinu sebagian demi sebagian.

$$S_1 = (S_1^1, S_1^2), E_1 = (E_1^1, E_1^2), I_1 = (I_1^1, I_1^2), R_1 = (R_1^1, R_1^2)$$

maka akan terdapat  $f(X^1(t), t)$  dan  $f(X^2(t), t)$  dengan

$$X^1 = \{S_1^1, E_1^1, I_1^1, R_1^1\}$$

$$X^2 = \{S_1^2, E_1^2, I_1^2, R_1^2\}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari  $k(t)$  yang merupakan konstanta *Lipschitz* yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$



dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan}$$

$i = 1, 2, 3, 4$ , maka

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \|b_{i1} + c_{i1}\| \quad (4.7)$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|,$$

dengan  $\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$

Dengan ketentuan  $a_{i1} \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|$ .  $i = 1, 2, 3, 4$

Selanjutnya Persamaan (4.3), (4.4), (4.5) dan (4.6) dapat dibentuk sebagai berikut

#### ***Susceptible***

$$a_{11} = f(S_1^1(t), t) - f(S_1^2(t), t)$$

$$\begin{aligned} a_{11} &= \{ \Lambda_1 - d_1 S_1^1 - (1 - p_1) S_1^1 - b_1 S_1^1 + \sigma_1 S_1^1 \} - \\ &\quad \{ \Lambda_1 - d_1 S_1^2 - (1 - p_1) S_1^2 - b_1 S_1^2 + \sigma_1 S_1^2 \} \\ &= (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.7) maka didapatkan

$$\|a_{11}\| = \|(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2)\| \quad (4.8)$$

#### ***Exposed***

$$a_{21} = f(E_1^1(t), t) - f(E_1^2(t), t)$$

$$\begin{aligned} a_{21} &= \{ p_1 E_1^1 - (d_1 + (1 - q_1)) E_1^1 - b_1 E_1^1 + \sigma_2 E_1^1 \} - \\ &\quad \{ p_1 E_1^2 - (d_1 + (1 - q_1)) E_1^2 - b_1 E_1^2 + \sigma_2 E_1^2 \} \\ &= (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \end{aligned}$$

menggunakan ketentuan (4.7) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| = \|(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2)\| \quad (4.9)$$

#### ***Infected***

$$a_{31} = f(I_1^1(t), t) - f(I_1^2(t), t)$$

$$\begin{aligned} a_{31} &= \{ q_1 I_1^1 - d_1 I_1^1 - (1 - u_1) I_1^1 \} - \{ q_1 I_1^2 - d_1 I_1^2 - (1 - u_1) I_1^2 \} \\ &= (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \end{aligned}$$



Menggunakan ketentuan (4.7) maka didapatkan

$$\|a_{31}\| = \|(q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2)\| \quad (4.10)$$

**Recovery**

$$a_{41} = f(R_1^1(t), t) - f(R_1^2(t), t)$$

$$\begin{aligned} a_{41} &= \{u_1 R_1^1 - d_1 R_1^1 - b_1 R_1^1 + \sigma_3 R_1^1\} - \{u_1 R_1^2 - d_1 R_1^2 - b_1 R_1^2 + \sigma_3 R_1^2\} \\ &= (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.7) maka didapatkan

$$\|a_{41}\| = \|(u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2)\| \quad (4.11)$$

Selanjutnya Persamaan (4.8)-(4.11) dapat dibentuk norm sebagai berikut.

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \|b_{i1} + c_{i1}\|$$

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|,$$

$$\text{dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$\left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$|a_{11}| = |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|(|S_1^1 - S_1^2|)$$

$$|a_{21}| = |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|(|E_1^1 - E_1^2|)$$

$$|a_{31}| = |(q_1 - d_1 - (1 - u_1))|(|I_1^1 - I_1^2|)$$

$$|a_{41}| = |(u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)|(|R_1^1 - R_1^2|)$$

maka

$$|a_{11}| \leq \max\{ |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \} (|S_1^1 - S_1^2|)$$

$$|a_{21}| \leq \max\{ |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \} (|E_1^1 - E_1^2|)$$



$$|a_{31}| \leq \max\{ |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \} (|I_1^1 - I_1^2|)$$

$$|a_{41}| \leq \max\{ |(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \} (|R_1^1 - R_1^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq \max\{$$

$$|(\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)|, |(p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)|,$$

$$|q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1)(S_1^1 - S_1^2) \\ (p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2)(E_1^1 - E_1^2) \\ (q_1 - d_1 - (1 - u_1))(I_1^1 - I_1^2) \\ (u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3)(R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_1^1 - S_1^2) \\ (E_1^1 - E_1^2) \\ (I_1^1 - I_1^2) \\ (R_1^1 - R_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k(t) = \max\{ |\sigma_1 - d_1 - (1 - p_1) - b_1|, |p_1 - (d_1 + (1 - q_1)) - b_1 + \sigma_2|, |q_1 - d_1 - (1 - u_1)|, |u_1 - d_1 - b_1 + \sigma_3| \}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\sigma_1)_{maks} - (d_1 + (1 - p_1) + b_1)_{min}|, |(p_1 + \sigma_2)_{maks} - (d_1 + (1 - q_1) + b_1)_{min}|, |(q_1)_{maks} - (d_1 + (1 - u_1))_{min}|, |(u_1 + \sigma_3)_{maks} - (d_1 + b_1)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\sigma_1)_{min} - (d_1 + (1 - p_1) + b_1)_{maks}|, |(p_1 + \sigma_2)_{min} - (d_1 + (1 - q_1) + b_1)_{maks}|, |(q_1)_{min} - (d_1 + (1 - u_1))_{maks}|, |(u_1 + \sigma_3)_{min} - (d_1 + b_1)_{maks}| \right\}$$



Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* dapat menyebarkan virus pada populasi di wilayah satu. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*. Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz*

$k(t) = \left| (q_1)_{maks} - (d_1 + (1 - u_1))_{min} \right|$  maka penyebaran virus dalam wilayah satu sangat luas. Jika  $(q_1)_{maks}$  dan  $(d_1 + (1 - u_1))_{min}$  maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* transisi individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $S_1, E_1, I_1, R_1$  di wilayah satu.

## 4.2 Model Pada Wilayah Dua

Model pada wilayah dua adalah model yang menggambarkan terjadinya penyebaran virus pada wilayah dua. Model ini dikonstruksi berdasarkan fenomena-fenomena yang terjadi pada suatu wilayah yang bertujuan untuk mengetahui penyebaran penyakit pada wilayah dua.

### 4.2.1 Konstruksi Model

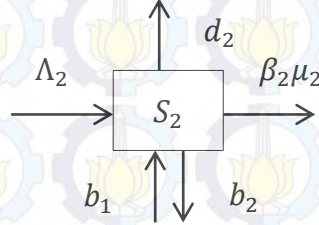
Konstruksi model pada wilayah dua analog dengan konstruksi pada model wilayah satu. Namun ada yang berbeda antara model wilayah satu dan model wilayah dua yaitu pada *rate travelling*. Subpopulasi *infected* sama dengan subpopulasi di wilayah satu.

#### a. Laju Perubahan Subpopulasi *Susceptible*

Laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate travelling* sebesar  $b_1$  yang dilakukan oleh  $s_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 s_i = b_1 S_1$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *susceptible* bertambah per satuan waktu. Namun jumlah individu subpopulasi *susceptible* dapat berkurang per satuan waktu karena adanya *rate travelling* sebesar  $b_2$  yang dilakukan oleh  $s_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu



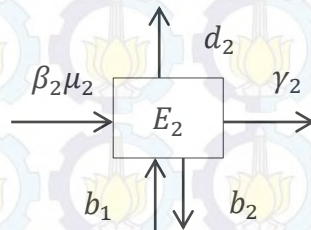
dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 s_i = b_2 S_2$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu seperti Gambar 4.7.



Gambar 4.7 Diagram subpopulasi *susceptible* di wilayah dua

b. Laju perubahan Subpopulasi *Exposed*

Laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate travelling* sebesar  $b_1$  yang dilakukan oleh  $e_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 e_i = b_1 E_1$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *susceptible* bertambah per satuan waktu. Namun jumlah individu subpopulasi *exposed* berkurang per satuan waktu karena adanya *rate travelling* sebesar  $b_2$  yang dilakukan oleh  $e_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 e_i = b_2 E_2$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu seperti Gambar 4.8.



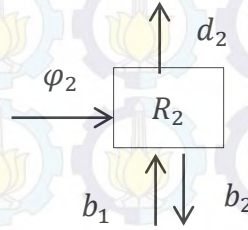
Gambar 4.8 Diagram subpopulasi *exposed* di wilayah dua

c. Laju Perubahan Subpopulasi *Recovery*

Laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate travelling* sebesar  $b_1$  yang dilakukan oleh  $r_i$  dari wilayah satu ke wilayah dua per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_1 r_i = b_1 R_1$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *susceptible* bertambah per satuan waktu. Namun jumlah individu

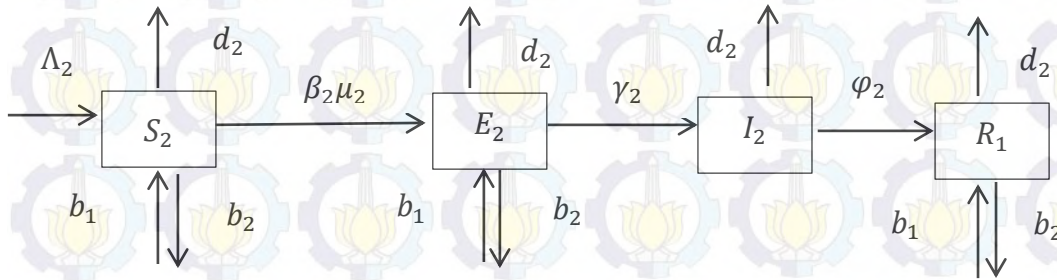


subpopulasi *recovery* berkurang per satuan waktu karena adanya *rate travelling* yang dilakukan oleh  $r_i$  dari wilayah dua ke wilayah satu per satuan waktu sebesar  $b_2$  sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n b_2 r_i = b_2 R_2$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu seperti Gambar 4.9.



Gambar 4.9 Diagram subpopulasi *recovery* di wilayah dua

Dari Gambar diagram subpopulasi (4.7), (4.8), (4.9) dapat dibentuk diagram kompartemen untuk menggambarkan penyebaran virus pada wilayah dua sebagai berikut:



Gambar 4.10. Diagram Kompartemen pada wilayah 2

Berdasarkan Gambar 4.10 dapat dibentuk suatu sistem model epidemik pada wilayah dua sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + b_1 S_1 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - (d_2 + \gamma_2) E_2 - b_2 E_2 + b_1 E_1 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + b_1 R_1\end{aligned}$$

Pada model wilayah satu terdapat subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *recovery* yang tidak hanya berasal dari wilayah dua melainkan juga dari wilayah satu. Diasumsikan sebelumnya bahwa individu dari wilayah satu yang melakukan



*travelling* ke wilayah dua menjadi populasi di wilayah dua  $s_1 \approx s_2$ . Misalkan  $\sigma_4$  adalah proporsi subpopulasi *susceptible* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *susceptible* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua  $b_1 S_1$  adalah  $\sigma_4 S_2$ . Misalkan  $\sigma_5$  adalah proporsi subpopulasi *exposed* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *exposed* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua  $b_1 E_1$  adalah  $\sigma_5 E_2$ . Misalkan  $\sigma_6$  adalah proporsi subpopulasi *recovery* dari wilayah satu yang menjadi populasi di wilayah dua. Maka proporsi subpopulasi *recovery* yang berasal dari wilayah satu yang melakukan *travelling* ke wilayah dua  $b_2 R_2$  adalah  $\sigma_6 R_2$ .

Oleh karena itu model menjadi

$$\begin{aligned}\frac{dS_2}{dt} &= \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2 \\ \frac{dE_2}{dt} &= \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - (d_2 + \gamma_2) E_2 - b_2 E_2 + \sigma_5 E_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \gamma_2 E_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2\end{aligned}\tag{4.12}$$

Dengan nilai awal yaitu

$$S_2(0) = S_{2(0)}, E_2(0) = E_{2(0)}, I_2(0) = I_{2(0)}, R_2(0) = R_{2(0)},$$

dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S_2(t) = S_{maks}$$

$$\frac{\partial^2 I_2}{\partial x^2} < 0, I_2 \text{ bergerak hanya sampai dengan } L_2$$

Total populasi pada wilayah dua yaitu

$$N_2(t) = S_2(t) + E_2(t) + I_2(t) + R_2(t), \quad S_2(t), E_2(t), I_2(t), R_2(t) > 0$$

Berikut ini keterangan untuk model wilayah dua:

$S_2$  : Subpopulasi *Susceptible* di wilayah 2

$E_2$  : Subpopulasi *Exposed* di wilayah 2

$I_2$  : Subpopulasi *Infected* di wilayah 2

$R_2$  : Subpopulasi *Recovery* di wilayah 2

$N_2$  : Total populasi pada wilayah 2



- $\Lambda_2$  : Populasi kelahiran pada wilayah 2 per satuan waktu
- $b_1$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 1 ke wilayah 2 dan menjadi individu di wilayah 2 per satuan waktu
- $b_2$  : *Rate travelling* individu dari wilayah 2 ke wilayah 1 per satuan waktu
- $d_2$  : *Rate* kematian individu di wilayah 2 per satuan waktu
- $\gamma_2$  : *Rate* transisi subpopulasi *exposed* menjadi subpopulasi *infected* di wilayah 2 per satuan waktu
- $\varphi_2$  : *Rate* transisi subpopulasi *infected* menjadi subpopulasi *Recovery* di wilayah 2 per satuan waktu
- $\beta_2$  : *Rate* transmisi virus saat individu *susceptible* bergerak dan memiliki peluang bertemu dengan individu *infected* di wilayah 2 per satuan waktu
- $\mu_2$  : Rata-rata banyaknya pertemuan individu *susceptible* bertemu dengan individu *infected* di wilayah 2

#### 4.2.2 Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Titik keseimbangan model epidemik pada wilayah dua adalah titik yang diperoleh ketika Sistem (4.12) berada pada keadaan setimbang. Keadaan setimbang adalah keadaan dimana perubahan populasi sepanjang waktu adalah nol. Titik keseimbangan bebas penyakit adalah suatu keadaan tidak terjadi penyebaran virus dalam suatu populasi sehingga  $I_2 = 0$ .

Titik keseimbangan bebas penyakit diperoleh ketika sistem

$$\frac{dS}{dt} = 0, \frac{dE}{dt} = 0, \frac{dI}{dt} = 0, \frac{dR}{dt} = 0.$$

Sehingga diperoleh titik setimbang dari Sistem (4.12) sebagai berikut:

$$\frac{dI_2}{dt} = \gamma_2 E_2 - \delta_2 I_2 - \varphi_2 I_2 = 0$$

diperoleh  $E_2 = 0$  untuk  $\gamma_2 > 0$  dan  $\delta_2 + \varphi_2 > 0$

$$\frac{dR_2}{dt} = \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2 = 0$$

diperoleh  $R_2 = 0$  untuk  $d_2 + b_2 - \sigma_6 > 0$

$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2 = 0$$



diperoleh 
$$S_2 = \frac{\Lambda_2}{(d_2 + b_2 - \sigma_4)}$$

Titik kesetimbangan bebas penyakit pada wilayah dua adalah

$$(S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = \left( \frac{\Lambda_2}{(d_2 + b_2 - \sigma_4)}, 0, 0, 0 \right)$$

#### 4.2.3 Bilangan Reproduksi Dasar Pada Wilayah Dua

Bilangan reproduksi dasar merupakan parameter yang digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu virus pada wilayah dua.  $\mathcal{R}_0$  dari Sistem (4.12) dapat dicari dengan mengasumsikan populasi dikelompokkan kedalam empat kompartemen. Diberikan  $x = (S_2, E_2, I_2, R_2)^T$  dengan  $S_2, E_2, I_2, R_2 \geq 0$  dan diberikan  $X_s$  adalah himpunan state yang tidak nol saat bebas penyakit dan didefinisikan sebagai berikut

$$X_s = \{S_2 > 0 | E_2 = 0, I_2 = 0, R_2 = 0\}$$

Untuk menghitung nilai dari  $\mathcal{R}_0$  didefinisikan  $\mathcal{F}_i(x)$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $i$ , sedangkan  $\mathcal{V}_i^-(x)$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $i$  dan  $\mathcal{V}_i^+(x)$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $i$ . Model penyebaran penyakit terdiri dari kondisi awal non negatif dengan persamaan sistem sebagai berikut.

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n \text{ dengan } \mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x).$$

Dari Sistem (4.12) didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4)^T$$

dengan  $\mathcal{F}_1$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $E_2$

$\mathcal{F}_2$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $I_2$

$\mathcal{F}_3$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $R_2$

$\mathcal{F}_4$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $S_2$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \mathcal{F}_1 \\ \mathcal{F}_2 \\ \mathcal{F}_3 \\ \mathcal{F}_4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Selain itu, dari Sistem (4.12) didapatkan



$$\mathcal{V}_i^- = (\mathcal{V}_1^-, \mathcal{V}_2^-, \mathcal{V}_3^-, \mathcal{V}_4^-)^T$$

dengan  $\mathcal{V}_1^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $E_2$

$\mathcal{V}_2^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $I_2$

$\mathcal{V}_3^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $R_2$

$\mathcal{V}_4^-$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $S_2$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^- \\ \mathcal{V}_2^- \\ \mathcal{V}_3^- \\ \mathcal{V}_4^- \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (b_2 + d_2 + \gamma_2)E_2 \\ (d_2 + \varphi_2)I_2 \\ (d_2 + b_2)R_2 \\ (b_2 + d_2)S_2 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan

$$\mathcal{V}_i^+ = (\mathcal{V}_1^+, \mathcal{V}_2^+, \mathcal{V}_3^+, \mathcal{V}_4^+)^T$$

dengan  $\mathcal{V}_1^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $E_2$

$\mathcal{V}_2^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $I_2$

$\mathcal{V}_3^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $R_2$

$\mathcal{V}_4^+$  adalah laju dari perpindahan individu masuk ke kompartemen  $S_2$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^+ \\ \mathcal{V}_2^+ \\ \mathcal{V}_3^+ \\ \mathcal{V}_4^+ \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_5 E_2 \\ \gamma_2 E_2 \\ \varphi_2 I_2 + \sigma_6 R_2 \\ \sigma_4 S_2 + \Lambda_2 \end{pmatrix}$$

Dengan persamaan sistem berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002) sebagai berikut.

$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n$  dengan  $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$ .

didapatkan

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{pmatrix} (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)E_2 \\ (d_2 + \varphi_2)I_2 - \gamma_2 E_2 \\ (d_2 + b_2 - \sigma_6)R_2 - \varphi_2 I_2 \\ (b_2 + d_2 - \sigma_4)S_2 - \Lambda_2 \end{pmatrix} \quad (4.13)$$

yang memenuhi asumsi - asumsi berikut (Driessche & Wetmough, 2002).

1. Jika  $S_2, E_2, I_2, R_2 \geq 0$ , maka  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^-(x), \mathcal{V}_i^+(x) \geq 0$  untuk  $i = 1, \dots, 4$ .

Artinya individu pada subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovery* ada dan apabila terjadi kontak individu *susceptible* dengan individu



*infected* maka dapat memunculkan individu *infected* baru dan mengakibatkan perubahan pada masing-masing subpopulasi. Sehingga  $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-, \mathcal{V}_i^+$  dari model terpenuhi, yaitu sebagai berikut:

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \text{ dengan } \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \geq 0$$

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} (b_2 + d_2 + \gamma_2)E_2 \\ (d_2 + \varphi_2)I_2 \\ (d_2 + b_2)R_2 \\ (b_2 + d_2)S_2 \end{pmatrix} \text{ dengan } (b_2 + d_2 + \gamma_2)E_2 \geq 0,$$

$$(d_2 + \varphi_2)I_2 \geq 0, (d_2 + b_2)R_2 \geq 0, (b_2 + d_2)S_2 \geq 0$$

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \sigma_5 E_2 \\ \gamma_2 E_2 \\ \varphi_2 I_2 + \sigma_6 R_2 \\ \sigma_4 S_2 + \Lambda_2 \end{pmatrix} \text{ dengan } \sigma_5 E_2 \geq 0, \gamma_2 E_2 \geq 0, (\varphi_2 I_2 + \sigma_6 R_2) \geq 0$$

$$(\sigma_4 S_2 + \Lambda_2) \geq 0,$$

2. Jika  $I_2, E_2 = 0$  maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$ . Secara khusus, jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$  untuk  $i = 1, \dots, 4$ .

Artinya jika subpopulasi *infected* dan *exposed* kosong, maka tidak ada individu yang keluar dari kompartemen melalui infeksi dan kematian.

$$d_2 I_2, \varphi_2 I_2, \gamma_2 E_2, d_2 E_2, b_2 E_2 = 0$$

3.  $\mathcal{F}_i = 0$ , jika  $i > m$ . dengan  $i = 4$  dan  $m = 2$

Artinya jika munculnya infeksi baru adalah nol maka populasi  $E_2, I_2 = 0$ . Dengan kata lain tidak terjadi munculnya infeksi baru yang diakibatkan oleh individu *infected* maka tidak ada pula individu dalam keadaan *exposed*.

4. Jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  dan  $\mathcal{V}_i^+ = 0$  untuk  $i = 1, \dots, m$ .

Artinya jika populasi dalam keadaan bebas penyakit maka tidak muncul infeksi baru yang disebabkan oleh individu *infected* dan tidak ada perpindahan individu masuk menjadi subpopulasi *infected*.

$$E_2, I_2 = 0$$



5. Didefinisikan DFE adalah titik kesetimbangan bebas penyakit, dengan  $f$  terbatas ke  $X_s$ . Jika populasi ada disekitar DFE, maka populasi akan kembali ke DFE menurut linearisasi sistem:

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \text{ dengan } Df(x_0) = \frac{\partial f_i}{\partial x_j}$$

Setelah memenuhi 5 asumsi maka Persamaan (4.13) dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah  $E_2$  dan  $I_2$  maka  $m = 2$ . Dengan titik setimbang  $E_2 = 0$ ,  $I_2 = 0$  dan dapat dibentuk kedalam titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu  $(S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*) = \left( \frac{\Lambda_2}{(d_2 + b_2 - \sigma_4)}, 0, 0, 0 \right)$  dengan menggunakan

Lemma 2.1 didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 \text{ dan } \mathcal{F}_2 = 0, \text{ dengan } N_2 = S_2 + E_2 + I_2 + R_2$$

$$\mathcal{V}_1 = (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)E_2 \text{ dan } \mathcal{V}_2 = (d_2 + \varphi_2)I_2 - \gamma_2 E_2$$

Maka matriks  $F$  adalah

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} \end{pmatrix}$$

dengan

$$\frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} = \frac{(0 \times N_2) - (1 \times \beta_2 \mu_2 S_2 I_2)}{(N_2)^2}$$

$$= 0$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} = \frac{(\beta_2 \mu_2 S_2 \times N_2) - (1 \times \beta_2 \mu_2 S_2 I_2)}{(N_2)^2}$$

$$= \beta_2 \mu_2$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} = 0$$

Sehingga

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_2 \mu_2 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan matriks  $V$  adalah



$$V = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_1(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial E_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_2(S^*, E^*, I^*, R^*)}{\partial I_2} \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5 & 0 \\ -\gamma_2 & d_2 + \varphi_2 \end{pmatrix}$$

dengan  $F$  non negatif dan  $V$  merupakan M-matriks *non-singular*.

Berdasarkan Definisi 2.2 ( Berman & Plemmons, 1979,  $M_{35}$ , p.127).

Matriks  $V$  merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika sebuah matriks  $V$  berukuran  $2 \times 2$  menunjukkan bentuk  $V = sI - B$ . Dimana  $s > \rho(B)$ ,  $\rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , dengan  $s = \varphi_2 + (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)$

dan  $B = \begin{pmatrix} \varphi_2 & 0 \\ \gamma_2 & b_2 + \gamma_2 - \sigma_5 \end{pmatrix}$ .

Akan ditunjukkan bahwa  $s > \rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , sebagai berikut

$$|B - \lambda I| = 0$$

$$\begin{vmatrix} \varphi_2 - \lambda & 0 \\ \gamma_2 & b_2 + \gamma_2 - \sigma_5 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$(\varphi_2 - \lambda)(b_2 + \gamma_2 - \sigma_5 - \lambda) = 0$$

$$\lambda_1 = \varphi_2 \text{ dan } \lambda_2 = b_2 + \gamma_2 - \sigma_5$$

didapatkan  
dengan

$$\rho(B) = \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\}$$

Sehingga nilai  $\rho(B)$  memiliki 2 kemungkinan yaitu

1. jika  $\lambda_1 > \lambda_2$  maka

$$\rho(B) = \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\}$$

$$= \lambda_1$$

$$= \varphi_2$$

terbukti bahwa  $s > \rho(B)$ , dengan  $s = \varphi_2 + (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)$

2. jika  $\lambda_2 > \lambda_1$  maka

$$\rho(B) = \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\}$$

$$= \lambda_2$$

$$= b_2 + \gamma_2 - \sigma_5$$

Terbukti bahwa  $s > \rho(B)$ , dengan  $s = \varphi_2 + (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)$



berdasarkan dua kemungkinan tersebut, terbukti bahwa  $s > \rho(B)$  sehingga matriks  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular. Setelah dibuktikan  $V$  merupakan  $m$ -matriks non singular berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002). Berikutnya dicari invers matriks  $V$  sebagai berikut.

$$\begin{aligned} V &= \begin{pmatrix} b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5 & 0 \\ -\gamma_2 & d_2 + \varphi_2 \end{pmatrix} \\ V^{-1} &= \frac{1}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} \begin{pmatrix} d_2 + \varphi_2 & 0 \\ \gamma_2 & b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} \frac{1}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)} & 0 \\ \frac{\gamma_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} & \frac{1}{(d_2 + \varphi_2)} \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Setelah didapatkan matriks  $V^{-1}$ , kemudian dibentuk matriks generasi selanjutnya yaitu

$$\begin{aligned} FV^{-1} &= \begin{pmatrix} 0 & \beta_2 \mu_2 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)} & 0 \\ \frac{\gamma_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} & \frac{1}{(d_2 + \varphi_2)} \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} & \frac{\beta_2 \mu_2}{(d_2 + \varphi_2)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Kemudian dicari nilai eigen dari  $FV^{-1}$  sebagai berikut

$$|FV^{-1} - \lambda I| = 0$$

$$\begin{vmatrix} \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} - \lambda & \frac{\beta_2 \mu_2}{(d_2 + \varphi_2)} \\ 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$-\lambda \left( \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} - \lambda \right) = 0$$

Didapatkan  $\lambda_1 = 0$  ,  $\lambda_2 = \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)}$

Sehingga bilangan reproduksi dasar dari operator generasi selanjutnya, yaitu

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_{0_2} &= \rho(FV^{-1}) \\ &= \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|\} \\ &= \max \{0, |\lambda_2|\} \end{aligned}$$



$$= \lambda_2$$

$$= \frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)}$$

Berdasarkan Teorema 2.1 Jika  $\mathcal{R}_{0_2} < 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal, jika  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil. Sehingga untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_2} < 1$  yaitu dimana kondisi pada suatu wilayah dalam keadaan bebas penyakit maka

$$\frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} < 1$$

dengan

$$(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2) > 0$$

$$\text{untuk } (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5) > 0 \quad \text{dan} \quad (d_2 + \varphi_2) > 0$$

dan untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$  yaitu dimana kondisi pada suatu wilayah dalam keadaan endemik maka

$$\frac{\gamma_2 \beta_2 \mu_2}{(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2)} > 1$$

dengan

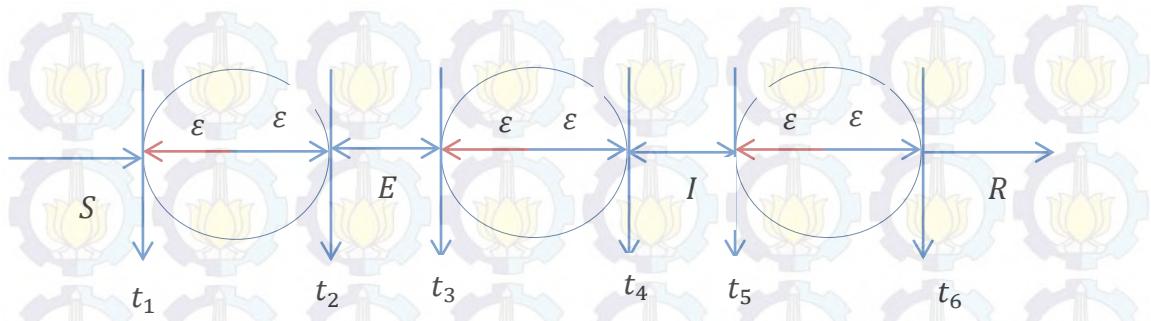
$$(b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5)(d_2 + \varphi_2) > 0$$

$$\text{untuk } (b_2 + d_2 + \gamma_2 - \sigma_5) > 0 \quad \text{dan} \quad (d_2 + \varphi_2) > 0$$

#### 4.2.4 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan

Analisis ini bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian ada dan tunggal, selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan. Sebelum dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dilakukan penyederhanaan sistem terlebih dahulu pada Persamaan sistem (4.12). Penyederhanaan sistem dilakukan untuk menekankan terjadinya evolusi model pada subpopulasi yang diamati. Berikut ini diagram yang menggambarkan perubahan status dari individual.





Gambar 4.11 Diagram perubahan status dari individual *susceptible*.

a. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  interaksi yang terjadi antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*. Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$ . Interaksi individual  $(s_j, i_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $p_2$ . Dimana  $0 < p_2 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $(s_j, i_j) \approx e_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2$  adalah  $p_2 E_2$  ekuivalen dengan  $(1 - p_2) S_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $(s_j, i_j) \approx s_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2$  adalah  $p_2 S_2$  ekuivalen dengan  $(1 - p_2) E_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2$  sebesar  $p_2 E_2$  dan  $(1 - p_2) S_2$  dimana  $0 < p_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $s_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $s_i$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 - d_2 S_2 - \beta_2 \mu_2 \frac{S_2}{N_2} I_2 - b_2 S_2 + \sigma_4 S_2$$

menjadi



$$\frac{dS_2}{dt} = \Lambda_2 - d_2S_2 - (1 - p_2)S_2 - b_2S_2 + \sigma_4S_2 \quad (4.14)$$

b. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dE_2}{dt} = p_2E_2 - (d_2 + \gamma_2)E_2 - b_2E_2 + \sigma_5E_2$$

Pada waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$ . yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $q_2$ . Dimana  $0 < q_2 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_j) \approx i_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $\gamma_2E_2$  adalah  $q_2I_2$  ekuivalen dengan  $(1 - q_2)E_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_j) \approx e_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $\gamma_2E_2$  adalah  $q_2E_2$  ekuivalen dengan  $(1 - q_2)I_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\gamma_2E_2$  sebesar  $q_2I_2$  dan  $(1 - q_2)E_2$  dimana  $0 < q_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $e_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $e_i$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.

Oleh karena itu model peramaan berikut

$$\frac{dE_2}{dt} = p_2E_2 - (d_2 + \gamma_2)E_2 - b_2E_2 + \sigma_5E_2$$

menjadi

$$\frac{dE_2}{dt} = p_2E_2 - (d_2 + (1 - q_2))E_2 - b_2E_2 + \sigma_5E_2 \quad (4.15)$$

c. Perhatikan model persamaan

$$\frac{dI_2}{dt} = q_2I_2 - d_2I_2 - \varphi_2I_2$$

Individu *infected* pada interval waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan



tubuh individual  $(i_j)$  untuk  $j = 1, 2, \dots, n$ . yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $u_2$ . Dimana  $0 < u_2 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_j) \approx r_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $\varphi_2 I_2$  adalah  $u_2 R_2$  ekuivalen dengan  $(1 - u_2) I_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_j) \approx i_k$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus di populasi  $\varphi_2 I_2$  adalah  $u_2 I_2$  ekuivalen dengan  $(1 - u_2) R_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\varphi_2 I_2$  sebesar  $u_2 R_2$  dan  $(1 - u_2) I_2$  dimana  $0 < u_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $i_{ki}$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $i_i$  yang kontinu sebagai individu *infected*.

Oleh karena itu model peramaan berikut

$$\frac{dI_2}{dt} = q_2 I_2 - d_2 I_2 - \varphi_2 I_2$$

menjadi

$$\frac{dI_2}{dt} = q_2 I_2 - d_2 I_2 - (1 - u_2) I_2 \quad (4.16)$$

dan persamaan

$$\frac{dR_2}{dt} = \varphi_2 I_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2$$

menjadi

$$\frac{dR_2}{dt} = u_2 R_2 - d_2 R_2 - b_2 R_2 + \sigma_6 R_2 \quad (4.17)$$

Selanjutnya setelah didapatkan Persamaan (4.14) sampai (4.17) yang telah direduksi berdasarkan evolusi virus yang terjadi di tubuh individual akan dilakukan pembuktian bahwa model memiliki penyelesaian dan tunggal dengan mencari konstanta *Lipschitz* berdasarkan menggunakan teorema berikut

Terdapat konstanta *Lipschitz*  $k(t)$  yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t) \|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap  $t \in R$ .

Bukti :



Misalkan sistem berbentuk  $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t), X(0) = X_0$ , dengan  $X \in \mathbb{R}^4$  dan  $t \in \mathbb{R}^+$ . dengan  $X = \{S, E, I, R\} \in \mathbb{R}^4$  maka

Persamaan (4.14), (4.15), (4.16) dan (4.17) dapat dinyatakan dalam bentuk

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\begin{aligned} \frac{dS_2}{dt} &= f(S_2(t), t) ; & \frac{dE_2}{dt} &= f(E_2(t), t) ; \\ \frac{dI_2}{dt} &= f(I_2(t), t) ; & \frac{dR_2}{dt} &= f(R_2(t), t) . \end{aligned}$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan  $X$  kontinu sebagian demi sebagian.

$$S_2 = (S_2^1, S_2^2), E_2 = (E_2^1, E_2^2), I_2 = (I_2^1, I_2^2), R_2 = (R_2^1, R_2^2)$$

Maka akan terdapat  $f(X^1(t), t)$  dan  $f(X^2(t), t)$  dengan

$$X^1 = \{S_2^1, E_2^1, I_2^1, R_2^1\}$$

$$X^2 = \{S_2^2, E_2^2, I_2^2, R_2^2\}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari  $k(t)$  yang merupakan konstanta Lipschitz yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t)\|X^1 - X^2\|$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| \text{ dinyatakan sebagai } a_{i1} = b_{i1} + c_{i1}, \text{ dengan}$$

$i = 1, 2, 3, 4$ , maka

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \|b_{i1} + c_{i1}\| \quad (4.18)$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, \text{ dengan } \|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

Dengan ketentuan  $a_{i1} \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|, i = 1, 2, 3, 4$

Selanjutnya persamaan (4.14), (4.15), (4.16) dan (4.17) dapat dibentuk sebagai berikut



### ***Susceptible***

$$\begin{aligned}a_{11} &= f(S_2^1(t), t) - f(S_2^2(t), t) \\a_{11} &= \{\Lambda_2 - d_2 S_2^1 - (1 - p_2) S_2^1 - b_2 S_2^1 + \sigma_4 S_2^1\} - \\&\quad \{\Lambda_2 - d_2 S_2^2 - (1 - p_2) S_2^2 - b_2 S_2^2 + \sigma_4 S_2^2\} \\&= (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2)\end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.18) maka didapatkan

$$\|a_{11}\| = \|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2)\| \quad (4.19)$$

### ***Exposed***

$$\begin{aligned}a_{21} &= f(E_2^1(t), t) - f(E_2^2(t), t) \\a_{21} &= \{p_2 E_2^1 - (d_2 + (1 - q_2)) E_2^1 - b_2 E_2^1 + \sigma_5 E_2^1\} - \\&\quad \{p_2 E_2^2 - (d_2 + (1 - q_2)) E_2^2 - b_2 E_2^2 + \sigma_5 E_2^2\} \\&= (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2)\end{aligned}$$

menggunakan ketentuan (4.18) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| = \|(p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2)\| \quad (4.20)$$

### ***Infected***

$$\begin{aligned}a_{31} &= f(I_2^1(t), t) - f(I_2^2(t), t) \\a_{31} &= \{q_2 I_2^1 - d_2 I_2^1 - (1 - u_2) I_2^1\} - \{q_2 I_2^2 - d_2 I_2^2 - (1 - u_2) I_2^2\} \\&= (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2)\end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.18) maka didapatkan

$$\|a_{31}\| = \|(q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2)\| \quad (4.21)$$

### ***Recovery***

$$\begin{aligned}a_{41} &= f(R_2^1(t), t) - f(R_2^2(t), t) \\a_{41} &= \{u_2 R_2^1 - d_2 R_2^1 - b_2 R_2^1 + \sigma_6 R_2^1\} - \{u_2 R_2^2 - d_2 R_2^2 - b_2 R_2^2 + \sigma_6 R_2^2\} \\&= (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2)\end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.18) maka didapatkan

$$\|a_{41}\| = \|(u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2)\| \quad (4.22)$$

Selanjutnya Persamaan (4.18)-(4.22) dapat dibentuk norm sebagai berikut.

$$\begin{aligned}\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| &= \left\| \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} \right\| = \|b_{i1} + c_{i1}\| \\ \|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| &\leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\|,\end{aligned}$$



dengan  $\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$

$$\begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix}$$

atau

$$\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$|a_{11}| = |(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|(|S_2^1 - S_2^2|)$$

$$|a_{21}| = |(p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)|(|E_2^1 - E_2^2|)$$

$$|a_{31}| = |(q_2 - d_2 - (1 - u_2))|(|I_2^1 - I_2^2|)$$

$$|a_{41}| = |(u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)|(|R_2^1 - R_2^2|)$$

maka

$$|a_{11}| \leq \max\{|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|,$$

$$|q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}(|S_2^1 - S_2^2|)$$

$$|a_{21}| \leq \max\{|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|,$$

$$|q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}(|E_2^1 - E_2^2|)$$

$$|a_{31}| \leq \max\{|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|,$$

$$|q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}(|I_2^1 - I_2^2|)$$

$$|a_{41}| \leq \max\{|(\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|,$$

$$|q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}(|R_2^1 - R_2^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq \max\{$$

$$|\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|$$

$$, |q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\} \left\| \begin{pmatrix} S_2^1 - S_2^2 \\ E_2^1 - E_2^2 \\ I_2^1 - I_2^2 \\ R_2^1 - R_2^2 \end{pmatrix} \right\|$$



atau

$$\left\| \begin{pmatrix} (\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2)(S_2^1 - S_2^2) \\ (p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5)(E_2^1 - E_2^2) \\ (q_2 - d_2 - (1 - u_2))(I_2^1 - I_2^2) \\ (u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6)(R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k(t) \left\| \begin{pmatrix} (S_2^1 - S_2^2) \\ (E_2^1 - E_2^2) \\ (I_2^1 - I_2^2) \\ (R_2^1 - R_2^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k(t) = \max\{|\sigma_4 - d_2 - (1 - p_2) - b_2|, |p_2 - (d_2 + (1 - q_2)) - b_2 + \sigma_5|, |q_2 - d_2 - (1 - u_2)|, |u_2 - d_2 - b_2 + \sigma_6|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\sigma_4)_{maks} - (d_2 + (1 - p_2) + b_2)_{min}|, |(p_2 + \sigma_5)_{maks} - (d_2 + (1 - q_2) + b_2)_{min}|, |(q_2)_{maks} - (d_2 + (1 - u_2))_{min}|, |(u_2 + \sigma_6)_{maks} - (d_2 + b_2)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\sigma_4)_{min} - (d_2 + (1 - p_2) + b_2)_{maks}|, |(p_2 + \sigma_5)_{min} - (d_2 + (1 - q_2) + b_2)_{maks}|, |(q_2)_{min} - (d_2 + (1 - u_2))_{maks}|, |(u_2 + \sigma_6)_{min} - (d_2 + b_2)_{maks}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* dapat menyebarkan virus pada populasi di wilayah dua. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*.

Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz*  $k(t) = |(q_2)_{maks} - (d_2 + (1 - u_2))_{min}|$  maka penyebaran virus dalam wilayah dua sangat luas. Jika  $(q_2)_{maks}$  dan  $(d_2 + (1 - u_2))_{min}$  maka yang terjadi *rate* individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $S_2, E_2, I_2, R_2$  di wilayah dua.



### 4.3 Model Pada Lintasan

Model pada lintasan adalah model yang menggambarkan terjadinya penyebaran virus di lintasan. Penyebaran virus terjadi ketika individu *susceptible* bergerak ke wilayah lain sehingga berpeluang untuk bertemu dengan individu *infected* dari wilayah satu dan wilayah dua di lintasan yang menghubungkan wilayah-wilayah tersebut.

#### 4.3.1 Konstruksi Model

Populasi di lintasan terbagi menjadi empat subpopulasi berdasarkan kondisi kesehatan individu, yaitu subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovery*. Subpopulasi *susceptible*  $(S_{ik})_j$  merupakan kumpulan individu sehat  $(s_{ik})_j$  yang melakukan *travelling* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ . Subpopulasi *susceptible*  $(S_{12})_1$  merupakan kumpulan  $(s_{12})_1$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu. Subpopulasi *susceptible*  $(S_{12})_2$  merupakan kumpulan  $(s_{12})_2$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua. Subpopulasi *susceptible*  $(S_{21})_1$  merupakan kumpulan  $(s_{21})_1$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu. Subpopulasi *susceptible*  $(S_{21})_2$  merupakan kumpulan  $(s_{21})_2$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua.

Subpopulasi *exposed*  $(E_{ik})_j$  merupakan kumpulan individu masih dalam masa inkubasi  $(e_{ik})_j$  yang melakukan *travelling* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ . Subpopulasi *exposed*  $(E_{12})_1$  merupakan kumpulan  $(e_{12})_1$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu. Subpopulasi *exposed*  $(E_{12})_2$  merupakan kumpulan  $(e_{12})_2$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua. Subpopulasi *exposed*  $(E_{21})_1$  merupakan kumpulan  $(e_{21})_1$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu. Subpopulasi *exposed*  $(E_{21})_2$  merupakan kumpulan  $(e_{21})_2$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua.

Subpopulasi *infected*  $(I_{ik})_j$  merupakan kumpulan individu masih dalam keadaan terinfeksi virus  $(i_{ik})_j$  pada saat dilintasan. Individu ini terbentuk dari individu-individu *exposed* yang melakukan *travelling* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang mengalami keadaan transisi dari individu *exposed* menjadi individu *infected* pada saat dilintasan  $j$ . Subpopulasi *infected*  $(I_{12})_1$  merupakan kumpulan  $(i_{12})_1$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu. Subpopulasi *infected*



$(I_{12})_2$  merupakan kumpulan  $(i_{12})_2$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua. Subpopulasi *infected*  $(I_{21})_1$  merupakan kumpulan  $(i_{21})_1$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu. Subpopulasi *infected*  $(I_{21})_2$  merupakan kumpulan  $(i_{21})_2$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua.

Subpopulasi *recovery*  $(R_{ik})_j$  merupakan kumpulan individu dalam keadaan sembuh dari terinfeksi virus  $(r_{ik})_j$  yang melakukan *travelling* dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$ . Subpopulasi *recovery*  $(R_{12})_1$  merupakan kumpulan  $(r_{12})_1$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu. Subpopulasi *recovery*  $(R_{12})_2$  merupakan kumpulan  $(r_{12})_2$  dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua. Subpopulasi *recovery*  $(R_{21})_1$  merupakan kumpulan  $(r_{21})_1$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu. Subpopulasi *recovery*  $(R_{21})_2$  merupakan kumpulan  $(r_{21})_2$  dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua.

Setiap individu *susceptible*, *exposed*, dan *recovery* dari wilayah dua dapat melakukan *travelling* ke wilayah satu, begitu sebaliknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *recovery* dari wilayah satu dapat melakukan *travelling* ke wilayah dua. Individu *infected* tidak dapat melakukan *travelling* ke wilayah lain karena individu *infected* terisolasi dalam wilayah masing-masing. Namun individu *exposed* dapat berubah status menjadi individu *infected* ketika individu *exposed* sudah melewati masa inkubasinya dan sistem kekebalan tubuh individu *exposed* melemah karena infeksi virus saat di lintasan.

Penyebaran virus dapat terjadi karena individu *exposed* dari wilayah satu mengalami transisi menjadi individu *infected* saat dilintasan. Penyebaran virus terjadi saat individu *susceptible* bergerak dan memiliki peluang untuk bertemu dengan individu *infected* pada saat berhenti dipemberhentian yang terdapat di lintasan. Setiap subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected* dan *recovery* di lintasan mengalami perubahan setiap waktunya. Berikut ini akan dijelaskan laju perubahan setiap subpopulasi.

a. Laju Perubahan Subpopulasi *Susceptible*

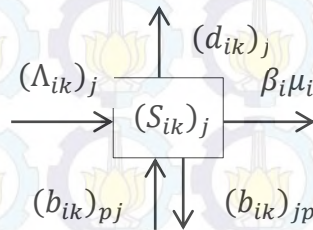
Laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu tergantung oleh populasi kelahiran di lintasan per satuan waktu sebesar  $(\Lambda_{ik})_j$ . *Rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{pj}$  yang dilakukan oleh  $(s_{ik})_j$  dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang



melintasi lintasan  $p$  pindah ke lintasan  $j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{pj} (s_{ik})_j = (b_{ik})_{pj} (s_{ik})_j$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *susceptible* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *susceptible* dapat berkurang per satuan waktu karena rate kematian sebesar  $(d_{ik})_j$  dari individu  $(s_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (d_{ik})_j (s_{ik})_j = (d_{ik})_j (s_{ik})_j$ . *Rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{jp}$  yang dilakukan oleh  $(s_{ik})_j$  dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang melintasi lintasan  $j$  pindah ke lintasan  $p$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{jp} (s_{ik})_j = (b_{ik})_{jp} (s_{ik})_j$ . Selain itu karena adanya  $(s_{ik})_j$  bergerak dan memiliki peluang untuk bertemu dengan  $(i_{pq})_j$  di lintasan, sehingga terjadi interaksi antara  $((s_{ik})_j, (i_{pq})_j)$  yang mengakibatkan adanya transmisi virus dari  $(i_{pq})_j$  ke  $(s_{ik})_j$  dalam selang waktu  $t \in [t_1, t_2]$  sebesar  $\beta_i$ .  $\beta_i$  adalah rate transmisi virus dari individu *infected* kepada individu *susceptible* per satuan waktu dan rata-rata banyaknya pertemuan  $(s_{ik})_j$  dengan  $(i_{pq})_j$  sebesar  $\mu_i$ .  $\mu_i$  merupakan parameter non dimensional. Sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \beta_i \mu_i \frac{(s_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (i_{pq})_j = \beta_i \mu_i \frac{(s_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (i_{pq})_j$ .

Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *susceptible* per satuan waktu seperti Gambar 4.12.



Gambar 4.12 Diagram subpopulasi *susceptible* di lintasan

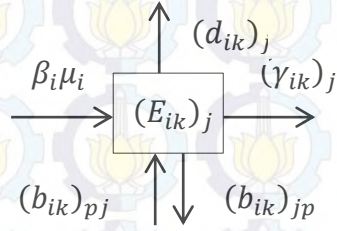


b. Laju Perubahan Subpopulasi *Exposed*

Laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu dipengaruhi oleh perubahan status  $(s_{ik})_j$  menjadi  $(e_{ik})_j$  karena interaksi antara  $((s_{ik})_j, (i_{pq})_j) \approx (e_{ik})_j$  yang mengakibatkan transmisi virus dari  $(i_{pq})_j$  ke  $(s_{ik})_j$  sebesar  $\beta_i$  dalam selang waktu  $t \in [t_1, t_2]$ .  $\beta_i$  adalah rate transmisi virus dari individu *infected* kepada individu *susceptible* per satuan waktu dan rata-rata banyaknya pertemuan  $(s_{ik})_j$  dengan  $(i_{pq})_j$  sebesar  $\mu_i$ .  $\mu_i$  merupakan parameter non dimensional. Sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n \beta_i \mu_i \frac{(s_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (i_{pq})_j = \beta_i \mu_i \frac{(s_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j$ . Selain itu adanya *rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{pj}$  yang dilakukan  $(e_{ik})_j$  dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang melintasi lintasan  $p$  pindah ke lintasan  $j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{pj} (e_{ik})_j = (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_j$ . Hal itu mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *exposed* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *exposed* dapat berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian sebesar  $(d_{ik})_j$  dari individu  $(e_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (d_{ik})_j (e_{ik})_j = (d_{ik})_j (E_{ik})_j$ . *Rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{jp}$  yang dilakukan oleh  $(e_{ik})_j$  dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang melintasi lintasan  $j$  pindah ke lintasan  $p$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{jp} (e_{ik})_j = (b_{ik})_{jp} (e_{ik})_j$ . Selain itu adanya *rate* transisi sebesar  $(\gamma_{ik})_j$  menyatakan perubahan status individu  $(e_{ik})_j$  menjadi individu  $(i_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (\gamma_{ik})_j (e_{ik})_j = (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *exposed* per satuan waktu seperti Gambar 4.13.

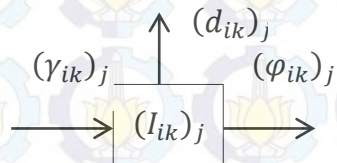




Gambar 4.13 Diagram subpopulasi *exposed* di lintasan

c. Laju Perubahan Subpopulasi *Infected*

Laju perubahan subpopulasi *infected* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate* transisi individu sebesar  $(\gamma_{ik})_j$  menyatakan perubahan status individu  $(e_{ik})_j$  menjadi individu  $(i_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (\gamma_{ik})_j (e_{ik})_j = (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *infected* bertambah per satuan waktu. Namun jumlah individu subpopulasi *infected* dapat berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian sebesar  $(d_{ik})_j$  dari individu  $(i_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (d_{ik})_j (i_{ik})_j = (d_{ik})_j (I_{ik})_j$ . Selain itu adanya *rate* transisi sebesar  $(\varphi_{ik})_j$  menyatakan perubahan status individu  $(i_{ik})_j$  menjadi individu  $(r_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (\varphi_{ik})_j (i_{ik})_j = (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *infected* per satuan waktu seperti Gambar 4.14.



Gambar 4.14 Diagram subpopulasi *infected* di lintasan

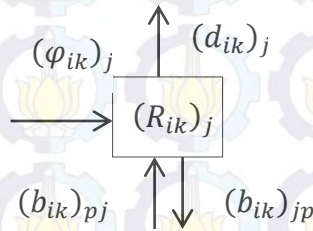
d. Laju Perubahan Subpopulasi *Recovery*

Laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu dipengaruhi oleh *rate* transisi sebesar  $(\varphi_{ik})_j$  menyatakan perubahan status dari individu  $(i_{ik})_j$  menjadi individu  $(r_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (\varphi_{ik})_j (i_{ik})_j = (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j$ . Selain itu adanya *rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{pj}$  yang dilakukan oleh  $(r_{ik})_j$  dari wilayah  $i$



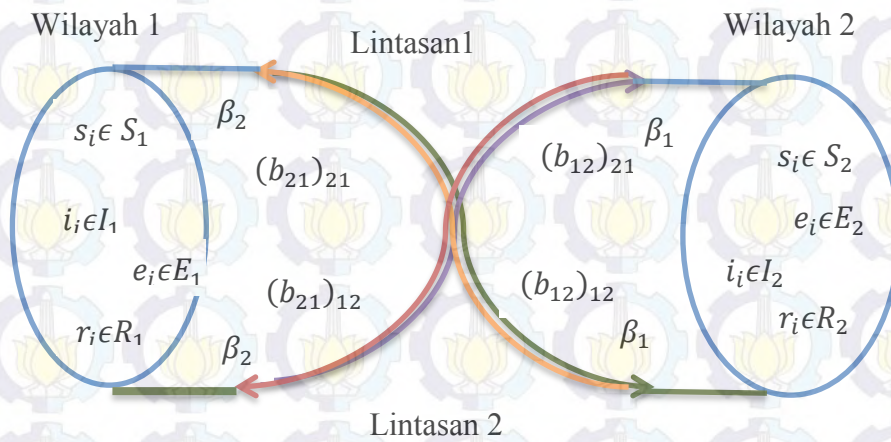
ke wilayah  $k$  yang melintasi lintasan  $p$  pindah ke lintasan  $j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{pj} (r_{ik})_j = (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_j$ . Hal itu dapat mengakibatkan jumlah individu subpopulasi *recovery* bertambah per satuan waktu.

Namun jumlah individu subpopulasi *recovery* dapat berkurang per satuan waktu karena *rate* kematian sebesar  $(d_{ik})_j$  dari individu  $(r_{ik})_j$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (d_{ik})_j (r_{ik})_j = (d_{ik})_j (R_{ik})_j$ . Selain itu adanya *rate travelling* sebesar  $(b_{ik})_{jp}$  yang dilakukan oleh  $(r_{ik})_j$  dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  yang melintasi lintasan  $j$  pindah ke lintasan  $p$  per satuan waktu, sedemikian hingga jumlah dari individu ini per satuan waktu dinotasikan  $\sum_{i=1}^n (b_{ik})_{jp} (r_{ik})_j = (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j$ . Sehingga dapat dibentuk diagram laju perubahan subpopulasi *recovery* per satuan waktu seperti Gambar 4.15.



Gambar 4.15 Diagram subpopulasi *recovery* di lintasan

Berikut ini terdapat gambar yang menjelaskan daerah-daerah pendefinisian terjadiinya *rate* transmisi virus dan *rate travelling* pada lintasan.



Gambar 4.16. Lintasan terjadinya *rate* transmisi dan *rate travelling*







Keterangan :

$\beta_1$ : *Rate* transmisi virus dari individu *infected* kepada individu *susceptible* saat individu *susceptible* bergerak dari wilayah 1 menuju wilayah 2 dan memiliki peluang untuk bertemu dengan individu *infected* saat di lintasan di lintasan  $j$  per satuan waktu .

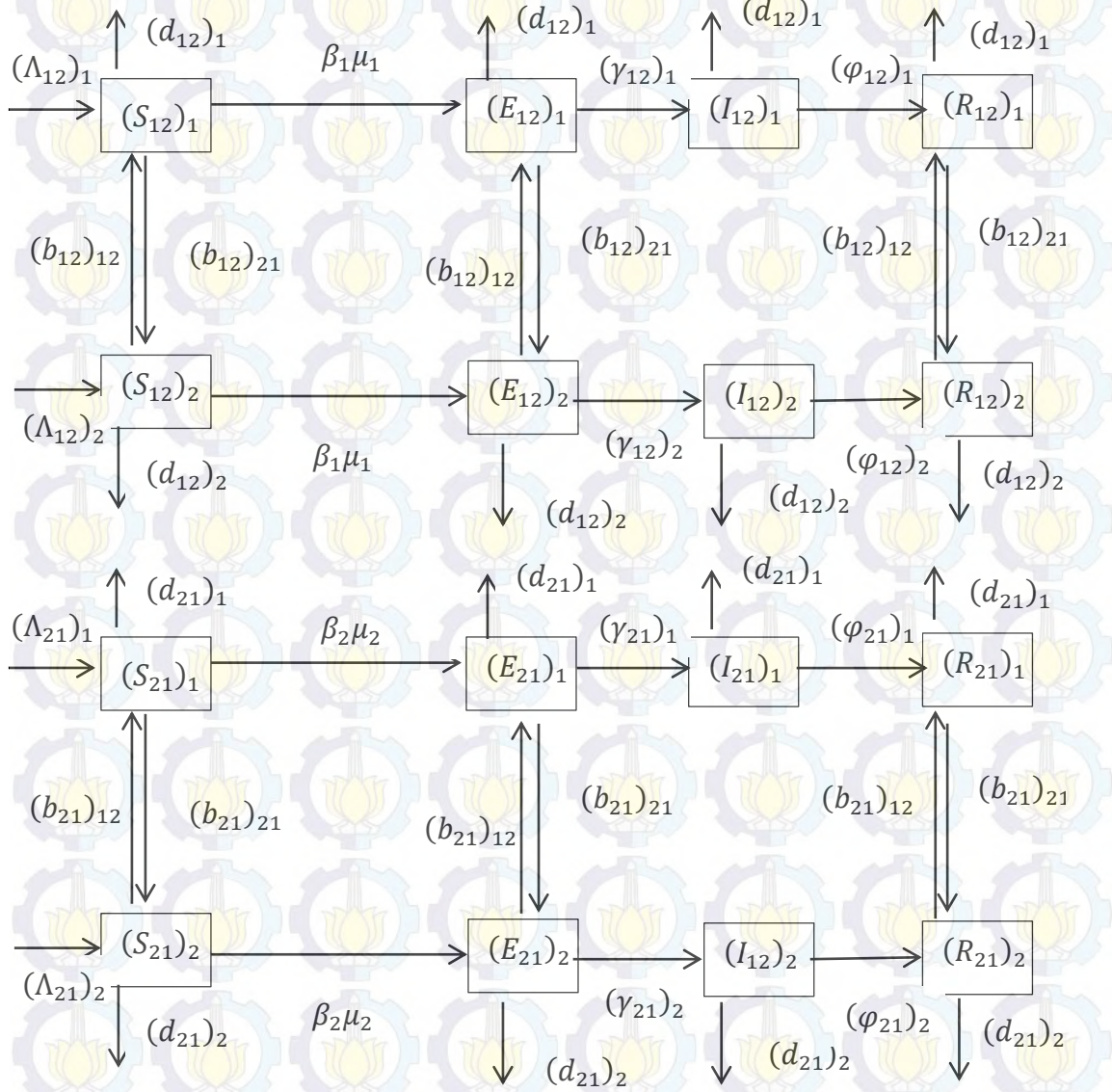
$\beta_2$  : *Rate* transmisi virus dari individu *infected* kepada individu *susceptible* saat individu *susceptible* bergerak dari wilayah 2 menuju wilayah 1 dan memiliki peluang untuk bertemu dengan individu *infected* saat di lintasan di lintasan  $j$  per satuan waktu.

*Rate* transmisi virus yang terjadi di lintasan diakibatkan oleh keadaan transisi individu *exposed* menjadi individu *infected*. Berikut ini keadaan individu *exposed* saat melakukan perjalanan dari wilayah  $i$  ke wilayah  $k$  dan *rate travelling* yang terjadi

	Individu yang melakukan <i>travelling</i> dari wilayah 1 ke wilayah 2 yang melalui lintasan 1 pindah ke lintasan 2 mengalami perubahan dari keadaan <i>Exposed</i> menjadi keadaan <i>infected</i> . <i>Rate travelling</i> yang terjadi sebesar $(b_{12})_{12}$
	Individu yang melakukan <i>travelling</i> dari wilayah 1 ke wilayah 2 yang melalui lintasan 2 pindah ke lintasan 1 mengalami perubahan dari keadaan <i>Exposed</i> menjadi keadaan <i>infected</i> . <i>Rate travelling</i> yang terjadi sebesar $(b_{12})_{21}$ .
	Individu yang melakukan <i>travelling</i> dari wilayah 2 ke wilayah 1 yang melalui lintasan 2 pindah ke lintasan 1 mengalami perubahan dari keadaan <i>Exposed</i> menjadi keadaan <i>infected</i> . <i>Rate travelling</i> yang terjadi sebesar $(b_{21})_{21}$ .
	Individu yang melakukan <i>travelling</i> dari wilayah 2 ke wilayah 1 yang melalui lintasan 1 pindah ke lintasan 2 mengalami perubahan dari keadaan <i>Exposed</i> menjadi keadaan <i>infected</i> . <i>Rate travelling</i> yang terjadi sebesar $(b_{21})_{12}$ .



Dari Gambar diagram subpopulasi (4.12) sampai (4.15) dapat dibentuk diagram kompartemen untuk menggambarkan penyebaran virus pada populasi di lintasan yang telah diuraikan seperti Gambar 4.17:



Gambar 4.17. Diagram Kompartemen pada lintasan



Berdasarkan Gambar 4.17 dapat dibentuk suatu sistem model epidemik pada lintasan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{d(S_{ik})_j}{dt} &= (\Lambda_{ik})_j - (d_{ik})_j (S_{ik})_j - \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j \\ &\quad + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (S_{ik})_j \\ \frac{d(E_{ik})_j}{dt} &= \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j - (d_{ik})_j (E_{ik})_j - (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j \\ &\quad + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (E_{ik})_j \\ \frac{d(I_{ik})_j}{dt} &= (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j - (d_{ik})_j (I_{ik})_j - (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j \\ \frac{d(R_{ik})_j}{dt} &= (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j - (d_{ik})_j (R_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p \\ &\quad - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j\end{aligned}$$

dengana  $i \neq k, p \neq q$

$i = 1, 2$  adalah banyaknya wilayah asal,  $j = 1, 2$  adalah banyaknya lintasan,  $k = 1, 2$  adalah banyaknya wilayah tujuan.

Namun model lintasan telah diasumsikan bahwa kelahiran dan kematian diabaikan. Oleh karena itu pada laju subpopulasi *susceptible*, populasi kelahiran  $(\Lambda_{ik})_j$  menjadi rate kelahiran dari total populasi dan diberikan parameter yang sama dengan rate kematian yaitu sebesar  $(d_{ik})_j (N_{ik})_j$ . Maka model pada lintasan menjadi

$$\begin{aligned}\frac{d(S_{ik})_j}{dt} &= (d_{ik})_j (N_{ik})_j - (d_{ik})_j (S_{ik})_j - \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j \\ &\quad + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (S_{ik})_j\end{aligned}$$



$$\frac{d(E_{ik})_j}{dt} = \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j - (d_{ik})_j (E_{ik})_j - (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j \quad (4.23)$$

$$+ \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (E_{ik})_j$$

$$\frac{d(I_{ik})_j}{dt} = (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j - (d_{ik})_j (I_{ik})_j - (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j$$

$$\frac{d(R_{ik})_j}{dt} = (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j - (d_{ik})_j (R_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j$$

dengan  $i \neq k, p \neq q$

$i = 1, 2$  adalah banyaknya wilayah asal,  $j = 1, 2$  adalah banyaknya lintasan,  $k = 1, 2$  adalah banyaknya wilayah tujuan.

Diberikan nilai awal yaitu

$$(S_{ik})_j(0) = S_{(ik)_j}(0), (E_{ik})_j(0) = E_{(ik)_j}(0), (I_{ik})_j(0) = I_{(ik)_j}(0), (R_{ik})_j(0) = R_{(ik)_j}(0)$$

dan kondisi batas

$$\lim_{t \rightarrow \infty} (S_{ik})_j(t) = S_{maks}$$

$$\frac{\partial^2 (I_{ik})_j}{\partial x^2} < 0, (I_{ik})_j \text{ tidak bergerak atau diisolasi di lintasan}$$

Total populasi pada lintasan

$$(N_{ik})_j = (S_{ik})_j + (E_{ik})_j + (I_{ik})_j + (R_{ik})_j$$

$$\text{Dimana } (S_{ik})_j(t), (E_{ik})_j(t), (I_{ik})_j(t), (R_{ik})_j(t) > 0$$

Berikut ini keterangan dari model pada lintasan:

$(S_{ik})_j$  : Subpopulasi *Susceptible* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$

$(E_{ik})_j$  : Subpopulasi *Exposed* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$

$(I_{ik})_j$  : Subpopulasi *Infected* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$



$(R_{ik})_j$ : Subpopulasi *Recovery* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$

$\beta_i$  : *Rate* transmisi saat individu *susceptible* bergerak dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  dan memiliki peluang untuk bertemu dengan individu *infected* dari wilayah  $p$  menuju wilayah  $q$  saat di lintasan di lintasan  $j$  per satuan waktu

$\mu_i$  : Rata-rata banyaknya pertemuan individu *susceptible* bertemu dengan individu *infected*

$(b_{ik})_{jp}$ : *Rate travelling* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  pindah ke lintasan  $p$  per satuan waktu

$(\gamma_{ik})_j$ : *Rate* transisi dari subpopulasi *Exposed* menjadi subpopulasi *infected* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(d_{ik})_j$ : *Rate* kematian dan kelahiran dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(\phi_{ik})_j$ : *Rate* transisi dari subpopulasi *infected* menjadi subpopulasi *Recovery* dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$  per satuan waktu

$(N_{ik})_j$  Total populasi dari wilayah  $i$  menuju wilayah  $k$  melalui lintasan  $j$

Dari Model (4.23) dapat diuraikan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_1}{dt} = & (d_{12})_1(N_{12})_1 - (d_{12})_1(S_{12})_1 - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 + (b_{12})_{11}(S_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \\ & - (b_{12})_{11}(S_{12})_1 - (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_2}{dt} = & (d_{12})_2(N_{12})_2 - (d_{12})_2(S_{12})_2 - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 \\ & - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1 + (b_{12})_{22}(S_{12})_2 \\ & - (b_{12})_{21}(S_{12})_2 - (b_{12})_{22}(S_{12})_2 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_1}{dt} = & (d_{21})_1(N_{21})_1 - (d_{21})_1(S_{21})_1 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 + (b_{21})_{11}(S_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \\ & - (b_{21})_{11}(S_{21})_1 - (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \end{aligned}$$

$$\frac{d(S_{21})_2}{dt} = (d_{21})_2(N_{21})_2 - (d_{21})_2(S_{21})_2 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2$$



$$\begin{aligned}
& -\beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1 + (b_{21})_{22}(S_{21})_2 \\
& - (b_{21})_{21}(S_{21})_2 - (b_{21})_{22}(S_{21})_2 \\
\frac{d(E_{12})_1}{dt} = & \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 + \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 - (d_{12})_1(E_{12})_1 \\
& - (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 + (b_{12})_{11}(E_{12})_1 + (b_{12})_{21}(E_{12})_2 - (b_{12})_{11}(E_{12})_1 \\
& - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\
\frac{d(E_{12})_2}{dt} = & \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 + \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 - (d_{12})_2(E_{12})_2 \\
& - (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 + (b_{12})_{12}(E_{12})_1 + (b_{12})_{22}(E_{12})_2 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\
& - (b_{12})_{22}(E_{12})_2 \\
\frac{d(E_{21})_1}{dt} = & \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 + \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 - (d_{21})_1(E_{21})_1 \\
& - (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 + (b_{21})_{11}(E_{21})_1 + (b_{21})_{21}(E_{21})_2 - (b_{21})_{11}(E_{21})_1 \\
& - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\
\frac{d(E_{21})_2}{dt} = & \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 + \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 - (d_{21})_2(E_{21})_2 \\
& - (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 + (b_{21})_{12}(E_{21})_1 + (b_{21})_{22}(E_{21})_2 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\
& - (b_{21})_{22}(E_{21})_2 \\
\frac{d(I_{12})_1}{dt} = & (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 - (d_{12})_1(I_{12})_1 - (\varphi_{12})_1(I_{12})_1 \\
\frac{d(I_{12})_2}{dt} = & (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 - (d_{12})_2(I_{12})_2 - (\varphi_{12})_2(I_{12})_2 \\
\frac{d(I_{21})_1}{dt} = & (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 - (d_{21})_1(I_{21})_1 - (\varphi_{21})_1(I_{21})_1 \\
\frac{d(I_{21})_2}{dt} = & (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 - (d_{21})_2(I_{21})_2 - (\varphi_{21})_2(I_{21})_2 \\
\frac{d(R_{12})_1}{dt} = & (\varphi_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(R_{12})_1 + (b_{12})_{11}(R_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2 \\
& - (b_{12})_{11}(R_{12})_1 - (b_{12})_{12}(R_{12})_1 \\
\frac{d(R_{12})_2}{dt} = & (\varphi_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(R_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1 + (b_{12})_{22}(R_{12})_2 \\
& - (b_{12})_{21}(R_{12})_2 - (b_{12})_{22}(R_{12})_2 \\
\frac{d(R_{21})_1}{dt} = & (\varphi_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(R_{21})_1 + (b_{21})_{11}(R_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2 \\
& - (b_{21})_{11}(R_{21})_1 - (b_{21})_{12}(R_{21})_1 \\
\frac{d(R_{21})_2}{dt} = & (\varphi_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(R_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1 + (b_{21})_{22}(R_{21})_2 \\
& - (b_{21})_{21}(R_{21})_2 - (b_{21})_{22}(R_{21})_2
\end{aligned} \tag{4.24}$$

Total populasi dari Sistem (4.23) di lintasan didapatkan sebagai berikut:

$$\frac{d(N_{ik})_j}{dt} = \frac{d(S_{ik})_j}{dt} + \frac{d(E_{ik})_j}{dt} + \frac{d(I_{ik})_j}{dt} + \frac{d(R_{ik})_j}{dt}$$



$$= \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} ((S_{ik})_p + (E_{ik})_p + (R_{ik})_p) - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} ((S_{ik})_j + (E_{ik})_j + (R_{ik})_j) \quad (4.25)$$

dengan  $i = 1, 2, j = 1, 2$ , dan  $k = 1, 2$

dengan

$$N_j = ((N_{12})_1, (N_{12})_2, (N_{21})_1, (N_{21})_2)^T$$

dan

$$S_j = ((S_{12})_1, (S_{12})_2, (S_{21})_1, (S_{21})_2)^T$$

$$E_j = ((E_{12})_1, (E_{12})_2, (E_{21})_1, (E_{21})_2)^T$$

$$R_j = ((R_{12})_1, (R_{12})_2, (R_{21})_1, (R_{21})_2)^T$$

maka Persamaan (4.25) dapat dibentuk kedalam matriks sebagai berikut

$$\begin{bmatrix} \frac{d(N_{12})_1}{dt} \\ \frac{d(N_{12})_2}{dt} \\ \frac{d(N_{21})_1}{dt} \\ \frac{d(N_{21})_2}{dt} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} (S_{12})_1 + (E_{12})_1 + (R_{12})_1 \\ (S_{12})_2 + (E_{12})_2 + (R_{12})_2 \\ (S_{21})_1 + (E_{21})_1 + (R_{21})_1 \\ (S_{21})_2 + (E_{21})_2 + (R_{21})_2 \end{bmatrix}$$

$$\frac{dN_j}{dt} = \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} (S_{12})_1 + (E_{12})_1 + (R_{12})_1 \\ (S_{12})_2 + (E_{12})_2 + (R_{12})_2 \\ (S_{21})_1 + (E_{21})_1 + (R_{21})_1 \\ (S_{21})_2 + (E_{21})_2 + (R_{21})_2 \end{bmatrix} \quad (4.26)$$

dengan memisalkan matriks

$$A = \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix}$$

Matriks A adalah matriks singular. Berikut ini dibuktikan bahwa A adalah matriks singular.

$$|A| = -(b_{12})_{12} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{vmatrix}$$



$$\begin{aligned}
& -(b_{12})_{21} \begin{vmatrix} (b_{12})_{12} & 0 & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{12} \\ 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} \\
& = (b_{12})_{12}(b_{12})_{21}((b_{21})_{12}(b_{21})_{21} - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\
& \quad - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}((b_{21})_{12}(b_{21})_{21} - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\
& = 0
\end{aligned}$$

karena  $A$  adalah matriks singular, maka persamaan (4.26) yaitu

$$\frac{dN_j}{dt} = \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} (S_{12})_1 + (E_{12})_1 + (R_{12})_1 \\ (S_{12})_2 + (E_{12})_2 + (R_{12})_2 \\ (S_{21})_1 + (E_{21})_1 + (R_{21})_1 \\ (S_{21})_2 + (E_{21})_2 + (R_{21})_2 \end{bmatrix}$$

menjadi

$$\frac{dN_j}{dt} = 0$$

atau

$$\frac{d(N_{ik})_j}{dt} = 0$$

Artinya tidak terjadi perubahan total populasi di lintasan, dengan kata lain total populasi di lintasan adalah konstan. Hal ini terjadi karena kelahiran dan kematian bernilai sama pada model dengan kata lain kelahiran dan kematian diabaikan pada model di lintasan.

#### 4.3.2 Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Titik keseimbangan model epidemik pada lintasan adalah titik yang diperoleh ketika Sistem (4.23) berada pada keadaan setimbang. Keadaan setimbang adalah keadaan dimana perubahan populasi sepanjang waktu adalah nol. Titik keseimbangan bebas penyakit adalah suatu keadaan tidak terjadi penyebaran virus dalam suatu populasi sehingga  $(I_{ik})_j, (I_{pq})_j = 0$ .

Titik keseimbangan bebas penyakit diperoleh ketika sistem

$$\frac{d(S_{ik})_j}{dt} = 0, \frac{d(E_{ik})_j}{dt} = 0, \frac{d(I_{ik})_j}{dt} = 0, \frac{d(R_{ik})_j}{dt} = 0$$

Sistem (4.23) didapatkan

$$\frac{d(I_{ik})_j}{dt} = (\gamma_{ik})_j(E_{ik})_j - (d_{ik})_j(I_{ik})_j - (\varphi_{ik})_j(I_{ik})_j = 0$$



diperoleh  $(E_{ik})_j = 0$  untuk  $(\gamma_{ik})_j > 0$  dan  $(d_{ik})_j + (\varphi_{ik})_j > 0$

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{ik})_j}{dt} = & \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j - (d_{ik})_j (E_{ik})_j - (\gamma_{ik})_j (E_{ik})_j \\ & + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (E_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (E_{ik})_j = 0 \end{aligned}$$

diperoleh  $(E_{ik})_p = 0$  untuk  $\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} > 0$

$$\begin{aligned} \frac{d(R_{ik})_j}{dt} = & (\varphi_{ik})_j (I_{ik})_j - (d_{ik})_j (R_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p \\ & - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (R_{ik})_j = 0 \\ = & \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (R_{ik})_p - \left( (d_{ik})_j + \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} \right) (R_{ik})_j = 0 \quad (4.27) \\ i = & 1, 2, j = 1, 2, \text{ dan } k = 1, 2 \end{aligned}$$

Untuk mengetahui nilai dari  $(R_{ik})_p$  dan  $(R_{ik})_j$  pada Persamaan (4.27), maka Persamaan (4.27) dapat dibentuk kedalam sebuah matriks sebagai berikut:

dengan

$$R_j = ((R_{12})_1, (R_{12})_2, (R_{21})_1, (R_{21})_2)^T$$

Sehingga

$$\begin{aligned} \frac{dR_j}{dt} = & \begin{bmatrix} -(b_{12})_{12} & (b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ (b_{12})_{12} & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & (b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & (b_{21})_{12} & -(b_{21})_{21} \end{bmatrix} \\ & - \begin{bmatrix} (d_{12})_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (d_{12})_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (d_{21})_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (d_{21})_2 \end{bmatrix} R_j = 0 \end{aligned}$$

atau dapat ditulis

$$\frac{dR_j}{dt} = \left[ A - \begin{bmatrix} (d_{12})_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (d_{12})_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (d_{21})_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (d_{21})_2 \end{bmatrix} \right] R_j = 0$$



dimana telah dibuktikan sebelumnya bahwa  $A$  adalah matriks singular. Ini berarti

$$A - \begin{bmatrix} (d_{12})_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (d_{12})_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (d_{21})_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (d_{21})_2 \end{bmatrix} \text{ adalah matriks non singular. Sehingga untuk}$$

memenuhi  $\frac{dR_j}{dt} = 0$  maka  $R_j = 0$  dengan kata lain didapatkan nilai dari

$$(R_{ik})_j = 0$$

maka persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{ik})_j}{dt} &= (d_{ik})_j(N_{ik})_j - (d_{ik})_j(S_{ik})_j - \sum_{p=1}^2 \beta_i \mu_i \frac{(S_{ik})_j}{(N_{ik})_j} (I_{pq})_j \\ &+ \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj} (S_{ik})_p - \sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp} (S_{ik})_j = 0 \end{aligned}$$

diperoleh

$$(S_{ik})_j = \frac{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj}}{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp}} (S_{ik})_p$$

Sehingga didapatkan titik setimbang bebas penyakit pada lintasan yaitu

$$(((S_{ik})_j)^*, ((E_{ik})_j)^*, ((I_{ik})_j)^*, ((R_{ik})_j)^*) = \left( \frac{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj}}{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp}} (S_{ik})_p, 0, 0, 0 \right)$$

Untuk  $(b_{ik})_{pj} = 0$ , jika  $p = j$

#### 4.3.3 Bilangan Reproduksi Dasar Pada Lintasan

Bilangan reproduksi dasar merupakan parameter yang digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran suatu virus pada lintasan.  $\mathcal{R}_0$  dari Sistem (4.23) dapat dicari dengan mengasumsikan populasi dapat dikelompokkan kedalam 16 kompartemen. Diberikan  $x = ((S_{ik})_j, (E_{ik})_j, (I_{ik})_j, (R_{ik})_j)^T$  dengan  $i = 1, 2, j = 1, 2$  dan  $k = 1, 2$  dan  $(S_{ik})_j, (E_{ik})_j, (I_{ik})_j, (R_{ik})_j \geq 0$ . Diberikan  $X_s$  adalah himpunan state yang tidak nol saat bebas penyakit dan didefinisikan sebagai berikut

$$X_s = \{(S_{ik})_j > 0 | (E_{ik})_j = 0, (I_{ik})_j = 0, (R_{ik})_j = 0\}$$

Untuk menghitung nilai dari  $\mathcal{R}_0$  didefinisikan  $\mathcal{F}_i(x)$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $i$ , sedangkan  $\mathcal{V}_i^-(x)$  adalah laju dari perpindahan individu keluar dari kompartemen  $i$  dan  $\mathcal{V}_i^+(x)$  adalah laju dari perpindahan



individu masuk ke kompartemen  $i$ . Model penyebaran penyakit terdiri dari kondisi awal non negatif dengan persamaan sistem sebagai berikut.

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n \text{ dengan } \mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x).$$

Dari Sistem (4.24) didapatkan

$$\mathcal{F}_i = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2, \mathcal{F}_3, \mathcal{F}_4, \mathcal{F}_5, \mathcal{F}_6, \mathcal{F}_7, \mathcal{F}_8, \mathcal{F}_9, \mathcal{F}_{10}, \mathcal{F}_{11}, \mathcal{F}_{12}, \mathcal{F}_{13}, \mathcal{F}_{14}, \mathcal{F}_{15}, \mathcal{F}_{16})^T$$

dengan  $\mathcal{F}_1$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(E_{12})_1$

$\mathcal{F}_2$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(E_{12})_2$

$\mathcal{F}_3$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(E_{21})_1$

$\mathcal{F}_4$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(E_{21})_2$

$\mathcal{F}_5$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(I_{12})_1$

$\mathcal{F}_6$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(I_{12})_2$

$\mathcal{F}_7$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(I_{21})_1$

$\mathcal{F}_8$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(I_{21})_2$

$\mathcal{F}_9$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(R_{12})_1$

$\mathcal{F}_{10}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(R_{12})_2$

$\mathcal{F}_{11}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(R_{21})_1$

$\mathcal{F}_{12}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(R_{21})_2$

$\mathcal{F}_{13}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(S_{12})_1$

$\mathcal{F}_{14}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(S_{12})_2$

$\mathcal{F}_{15}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(S_{21})_1$

$\mathcal{F}_{16}$  adalah laju dari kemunculan infeksi baru pada kompartemen  $(S_{21})_2$

Sehingga didapatkan



$$F_i = \begin{pmatrix} F_1 \\ F_2 \\ F_3 \\ F_4 \\ F_5 \\ F_6 \\ F_7 \\ F_8 \\ F_9 \\ F_{10} \\ F_{11} \\ F_{12} \\ F_{13} \\ F_{14} \\ F_{15} \\ F_{16} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Selain itu, dari Sistem (4.24) didapatkan

$$V_i^-(x) = (V_1^-, V_2^-, V_3^-, V_4^-, V_5^-, V_6^-, V_7^-, V_8^-, V_9^-, V_{10}^-, V_{11}^-, V_{12}^-, V_{13}^-, V_{14}^-, V_{15}^-, V_{16}^-)^T$$

Dengan  $V_1^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(E_{12})_1$

$V_2^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(E_{12})_2$

$V_3^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(E_{21})_1$

$V_4^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(E_{21})_2$

$V_5^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(I_{12})_1$

$V_6^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(I_{12})_2$

$V_7^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(I_{21})_1$

$V_8^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(I_{21})_2$

$V_9^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(R_{12})_1$

$V_{10}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(R_{12})_2$

$V_{11}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(R_{21})_1$

$V_{12}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(R_{21})_2$

$V_{13}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(S_{12})_1$

$V_{14}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(S_{12})_2$



$\nu_{15}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(S_{21})_1$

$\nu_{16}^-$  adalah laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $(S_{21})_2$

Sehingga didapatkan

$$\nu_i^-(x) = \begin{pmatrix} \nu_1^- \\ \nu_2^- \\ \nu_3^- \\ \nu_4^- \\ \nu_5^- \\ \nu_6^- \\ \nu_7^- \\ \nu_8^- \\ \nu_9^- \\ \nu_{10}^- \\ \nu_{11}^- \\ \nu_{12}^- \\ \nu_{13}^- \\ \nu_{14}^- \\ \nu_{15}^- \\ \nu_{16}^- \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 \\ ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 \\ ((d_{12})_1 + (b_{12})_{12})(R_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (b_{12})_{21})(R_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (b_{21})_{12})(R_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (b_{21})_{21})(R_{21})_2 \\ ((b_{12})_{12} + (d_{12})_1)(S_{12})_1 \\ ((b_{12})_{21} + (d_{12})_2)(S_{12})_2 \\ ((b_{21})_{12} + (d_{21})_1)(S_{21})_1 \\ ((b_{21})_{21} + (d_{21})_2)(S_{21})_2 \end{pmatrix}$$

dan didapatkan

$$\nu_i^+(x) = (\nu_1^+, \nu_2^+, \nu_3^+, \nu_4^+, \nu_5^+, \nu_6^+, \nu_7^+, \nu_8^+, \nu_9^+, \nu_{10}^+, \nu_{11}^+, \nu_{12}^+, \nu_{13}^+, \nu_{14}^+, \nu_{15}^+, \nu_{16}^+)^T$$

Dimana  $\nu_1^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(E_{12})_1$

$\nu_2^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(E_{12})_2$

$\nu_3^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(E_{21})_1$

$\nu_4^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(E_{21})_2$

$\nu_5^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(I_{12})_1$

$\nu_6^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(I_{12})_2$

$\nu_7^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(I_{21})_1$

$\nu_8^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(I_{21})_2$

$\nu_9^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(R_{12})_1$

$\nu_{10}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(R_{12})_2$

$\nu_{11}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(R_{21})_1$

$\nu_{12}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(R_{21})_2$

$\nu_{13}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(S_{12})_1$

$\nu_{14}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(S_{12})_2$



$\mathcal{V}_{15}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(S_{21})_1$

$\mathcal{V}_{16}^+$  adalah laju perpindahan individu masuk dari kompartemen  $(S_{21})_2$

Sehingga didapatkan

$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} \mathcal{V}_1^+ \\ \mathcal{V}_2^+ \\ \mathcal{V}_3^+ \\ \mathcal{V}_4^+ \\ \mathcal{V}_5^+ \\ \mathcal{V}_6^+ \\ \mathcal{V}_7^+ \\ \mathcal{V}_8^+ \\ \mathcal{V}_9^+ \\ \mathcal{V}_{10}^+ \\ \mathcal{V}_{11}^+ \\ \mathcal{V}_{12}^+ \\ \mathcal{V}_{13}^+ \\ \mathcal{V}_{14}^+ \\ \mathcal{V}_{15}^+ \\ \mathcal{V}_{16}^+ \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\ (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\ (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\ (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\ (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\ (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 \\ (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\ (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 \\ ((\varphi_{12})_1(I_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2) \\ ((\varphi_{12})_2(I_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1) \\ ((\varphi_{21})_1(I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2) \\ ((\varphi_{21})_2(I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1) \\ ((d_{12})_1(N_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2) \\ ((d_{12})_2(N_{12})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1) \\ ((d_{21})_1(N_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2) \\ ((d_{21})_2(N_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1) \end{pmatrix}$$

Dengan persamaan sistem berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002) sebagai berikut.

$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1, \dots, n$  dengan  $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$ .

didapatkan

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad \text{dan}$$

$$\mathcal{V}_i = \begin{pmatrix} ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\ ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\ ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\ ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\ ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 - (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 - (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 - (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 - (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 \\ ((d_{12})_1 + (b_{12})_{12})(R_{12})_1 - ((\varphi_{12})_1(I_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2) \\ ((d_{12})_2 + (b_{12})_{21})(R_{12})_2 - ((\varphi_{12})_2(I_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1) \\ ((d_{21})_1 + (b_{21})_{12})(R_{21})_1 - ((\varphi_{21})_1(I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2) \\ ((d_{21})_2 + (b_{21})_{21})(R_{21})_2 - ((\varphi_{21})_2(I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1) \\ ((b_{12})_{12} + (d_{12})_1)(S_{12})_1 - ((d_{12})_1(N_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2) \\ ((b_{12})_{21} + (d_{12})_2)(S_{12})_2 - ((d_{12})_2(N_{12})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1) \\ ((b_{21})_{12} + (d_{21})_1)(S_{21})_1 - ((d_{21})_1(N_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2) \\ ((b_{21})_{21} + (d_{21})_2)(S_{21})_2 - ((d_{21})_2(N_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1) \end{pmatrix} \quad (4.28)$$

yang harus memenuhi asumsi - asumsi berikut.

1. Jika  $(S_{ik})_j, (E_{ik})_j, (I_{ik})_j, (R_{ik})_j \geq 0$ , maka  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^-(x), \mathcal{V}_i^+(x) \geq 0$

Artinya individu pada subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovery* ada dan apabila terjadi kontak individu *susceptible* dengan individu *infected* maka dapat memunculkan individu *infected* baru dan mengakibatkan



perubahan pada masing-masing subpopulasi. Sehingga  $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-, \mathcal{V}_i^+$  dari model terpenuhi, yaitu sebagai berikut:

$$\mathcal{F}_i = \begin{pmatrix} \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Dengan

$$\begin{aligned} \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 &\geq 0 ; & \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 &\geq 0 ; \\ \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 &\geq 0 ; & \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 &\geq 0 ; \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 &\geq 0 ; & \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 &\geq 0 ; \\ \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 &\geq 0 ; & \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 &\geq 0 . \end{aligned}$$

dan

$$\mathcal{V}_i^-(x) = \begin{pmatrix} ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 \\ ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 \\ ((d_{12})_1 + (b_{12})_{12})(R_{12})_1 \\ ((d_{12})_2 + (b_{12})_{21})(R_{12})_2 \\ ((d_{21})_1 + (b_{21})_{12})(R_{21})_1 \\ ((d_{21})_2 + (b_{21})_{21})(R_{21})_2 \\ ((b_{12})_{12} + (d_{12})_1)(S_{12})_1 \\ ((b_{12})_{21} + (d_{12})_2)(S_{12})_2 \\ ((b_{21})_{12} + (d_{21})_1)(S_{21})_1 \\ ((b_{21})_{21} + (d_{21})_2)(S_{21})_2 \end{pmatrix}$$

Dengan  $((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 \geq 0$  ;

$((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 \geq 0$  ;

$((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 \geq 0$  ;

$((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 \geq 0$  ;

$((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 \geq 0$  ;  $((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 \geq 0$  ;

$((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 \geq 0$  ;  $((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 \geq 0$  ;

$((d_{12})_1 + (b_{12})_{12})(R_{12})_1 \geq 0$  ;  $((d_{12})_2 + (b_{12})_{21})(R_{12})_2 \geq 0$  ;

$((d_{21})_1 + (b_{21})_{12})(R_{21})_1 \geq 0$  ;  $((d_{21})_2 + (b_{21})_{21})(R_{21})_2 \geq 0$  ;

$((b_{12})_{12} + (d_{12})_1)(S_{12})_1 \geq 0$  ;  $((b_{12})_{21} + (d_{12})_2)(S_{12})_2 \geq 0$  ;

$((b_{21})_{12} + (d_{21})_1)(S_{21})_1 \geq 0$  ;  $((b_{21})_{21} + (d_{21})_2)(S_{21})_2 \geq 0$  .

dan



$$\mathcal{V}_i^+(x) = \begin{pmatrix} (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\ (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\ (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\ (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\ (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\ (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 \\ (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\ (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 \\ ((\varphi_{12})_1(I_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2) \\ ((\varphi_{12})_2(I_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1) \\ ((\varphi_{21})_1(I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2) \\ ((\varphi_{21})_2(I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1) \\ ((d_{12})_1(N_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2) \\ ((d_{12})_2(N_{12})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1) \\ ((d_{21})_1(N_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2) \\ ((d_{21})_2(N_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1) \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned} (b_{12})_{21}(E_{12})_2 &\geq 0; & (b_{12})_{12}(E_{12})_1 &\geq 0; \\ (b_{21})_{21}(E_{21})_2 &\geq 0; & (b_{21})_{12}(E_{21})_1 &\geq 0; \\ (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 &\geq 0; & (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 &\geq 0; \\ (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 &\geq 0; & (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 &\geq 0; \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} ((\varphi_{12})_1(I_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2) &> 0; & ((\varphi_{12})_2(I_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1) &\geq 0; \\ ((\varphi_{21})_1(I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2) &\geq 0; & ((\varphi_{21})_2(I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1) &\geq 0; \\ ((d_{12})_1(N_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2) &\geq 0; & ((d_{12})_2(N_{12})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1) &\geq 0; \\ ((d_{21})_1(N_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2) &\geq 0; & ((d_{21})_2(N_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1) &\geq 0. \end{aligned}$$

2. Jika  $(I_{ik})_j, (E_{ik})_j = 0$  maka  $\mathcal{V}_i^- = 0$ . Secara khusus, jika  $x \in X_s$ , maka

$$\mathcal{V}_i^- = 0$$

Artinya jika subpopulasi *infected* dan *exposed* kosong, maka tidak ada individu yang keluar dari kompartemen melalui kematian dan infeksi.

$$\begin{aligned} ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 &= 0; \\ ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 &= 0; \\ ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 &= 0; \\ ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 &= 0; \\ ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 &= 0 & ; & ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 = 0; \\ ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 &= 0; & & ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 = 0; \end{aligned}$$

3.  $\mathcal{F}_i = 0$ , jika  $i > m$ . Dengan  $i = 16$  dan  $m = 8$

Artinya jika munculnya infeksi baru adalah nol maka populasi  $(E_{ik})_j, (I_{ik})_j = 0$ . Dengan kata lain tidak terjadi munculnya infeksi baru yang diakibatkan oleh individu *infected* maka tidak ada pula individu dalam keadaan *exposed*.

4. Jika  $x \in X_s$ , maka  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  dan  $\mathcal{V}_i^+ = 0$  untuk  $i = 1, \dots, m$ .

Artinya jika populasi dalam keadaan bebas penyakit maka tidak muncul infeksi baru yang disebabkan oleh individu *infected* dan tidak ada perpindahan individu masuk menjadi subpopulasi *infected*

$$(E_{ik})_j, (I_{ik})_j = 0$$

5. Didefinisikan DFE adalah titik kesetimbangan bebas penyakit, dengan  $f$  terbatas ke  $X_s$ . Jika populasi ada disekitar DFE, maka populasi akan kembali ke DFE menurut linearisasi sistem:

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \text{ dengan } Df(x_0) = \frac{\partial f_i}{\partial x_j}$$

Setelah memenuhi 5 asumsi maka persamaan (4.28) dapat diketahui bahwa populasi yang terinfeksi adalah  $(E_{ik})_j$  dan  $(I_{ik})_j$  maka  $m = 8$ . Dengan titik setimbang  $(E_{ik})_j = 0, (I_{ik})_j = 0$  dan dapat dibentuk kedalam titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu

$$(((S_{ik})_j)^*, ((E_{ik})_j)^*, ((I_{ik})_j)^*, ((R_{ik})_j)^*) = \left( \frac{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{pj}}{\sum_{p=1}^2 (b_{ik})_{jp}} (S_{ik})_p, 0, 0, 0 \right)$$

dengan menggunakan Lemma 2.1 didapatkan

$$\mathcal{F}_1 = \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1$$

$$\mathcal{F}_2 = \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 + \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2$$

$$\mathcal{F}_3 = \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1$$

$$\mathcal{F}_4 = \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 + \beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2$$

$$\mathcal{F}_5 = 0; \quad \mathcal{F}_6 = 0; \quad \mathcal{F}_7 = 0; \quad \mathcal{F}_8 = 0;$$

dan

$$\mathcal{V}_1 = ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(E_{12})_1 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2$$



$$\begin{aligned}
\mathcal{V}_2 &= ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(E_{12})_2 - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\
\mathcal{V}_3 &= ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(E_{21})_1 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\
\mathcal{V}_4 &= ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(E_{21})_2 - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \\
\mathcal{V}_5 &= ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)(I_{12})_1 - (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\
\mathcal{V}_6 &= ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)(I_{12})_2 - (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 \\
\mathcal{V}_7 &= ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)(I_{21})_1 - (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\
\mathcal{V}_8 &= ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)(I_{21})_2 - (\gamma_{21})_2(E_{21})_2
\end{aligned}$$

Maka matriks  $F$  adalah

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{21})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{21})_2} \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned}
\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{12})_1} &= \frac{(0 \cdot (N_{12})_1) - 1\beta_1\mu_1(S_{12})_1(I_{12})_1}{((N_{12})_1)^2} + \frac{(0 \cdot (N_{12})_1) - 1\beta_1\mu_1(S_{12})_1(I_{21})_1}{((N_{12})_1)^2} \\
&= 0; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{12})_2} &= 0; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{21})_1} = 0; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (E_{21})_2} = 0; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{12})_1} &= \frac{(\beta_1\mu_1(S_{12})_1(N_{12})_1) - 1\beta_1\mu_1(S_{12})_1(I_{12})_1}{((N_{12})_1)^2} \\
&\quad + \frac{(0 \times (N_{12})_1) - 1\beta_1\mu_1(S_{12})_1(I_{21})_1}{((N_{12})_1)^2} \\
&= \beta_1\mu_1;
\end{aligned}$$



$$\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{12})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{21})_1} = 0 + \frac{(\beta_1 \mu_1 (S_{12})_1 (N_{12})_1) - (0 \times \beta_1 \mu_1 (S_{12})_1 (I_{21})_1)}{((N_{12})_1)^2} = \beta_1 \mu_1;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial (I_{21})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{12})_1} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{12})_2} = \frac{(0 \cdot (N_{12})_2) - 1 \beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (I_{12})_2}{((N_{12})_2)^2} + \frac{(0 \cdot (N_{12})_2) - 1 \beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (I_{21})_2}{((N_{12})_2)^2}$$

$$= 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{21})_1} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (E_{21})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{12})_1} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{12})_2} = \frac{(\beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (N_{12})_2) - 1 \beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (I_{12})_2}{((N_{12})_2)^2}$$

$$+ \frac{(0 \cdot (N_{12})_2) - 1 \beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (I_{21})_2}{((N_{12})_2)^2}$$

$$= \beta_1 \mu_1;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{21})_1} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial (I_{21})_2} = 0 + \frac{(\beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (N_{12})_2) - (0 \cdot \beta_1 \mu_1 (S_{12})_2 (I_{21})_2)}{((N_{12})_2)^2} = \beta_1 \mu_1;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{12})_1} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{12})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{21})_1} = \frac{(0 \cdot (N_{21})_1) - 1 \beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (I_{12})_1}{((N_{21})_1)^2} + \frac{(0 \cdot (N_{21})_1) - 1 \beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (I_{21})_1}{((N_{21})_1)^2}$$

$$= 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (E_{21})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{12})_1} = \frac{(\beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (N_{21})_1) - (0 \cdot \beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (I_{12})_1)}{((N_{21})_1)^2} + 0 = \beta_2 \mu_2;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{12})_2} = 0;$$

$$\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{21})_1} = \frac{(0 \cdot (N_{21})_1) - (1 \beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (I_{12})_1)}{((N_{21})_1)^2}$$

$$+ \frac{(\beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (N_{21})_1) - (1 \beta_2 \mu_2 (S_{21})_1 (I_{21})_1)}{((N_{21})_1)^2}$$

$$\begin{aligned}
&= \beta_2 \mu_2 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial (I_{21})_2} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{12})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{21})_1} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (E_{21})_2} &= \frac{(0 \cdot (N_{21})_2) - 1\beta_2\mu_2(S_{21})_2(I_{12})_2}{((N_{21})_2)^2} + \frac{(0 \cdot (N_{21})_2) - 1\beta_2\mu_2(S_{21})_2(I_{21})_2}{((N_{21})_2)^2} \\
&= 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{12})_1} &= 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{12})_2} &= \frac{(\beta_2\mu_2(S_{21})_2(N_{21})_2) - (1\beta_2\mu_2(S_{21})_2(I_{12})_2)}{((N_{21})_1)^2} + 0 = \beta_2\mu_2 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{21})_1} &= 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_4}{\partial (I_{21})_2} &= \frac{(0 \cdot (N_{21})_2) - (1\beta_2\mu_2(S_{21})_2(I_{12})_2)}{((N_{21})_2)^2} \\
&+ \frac{(\beta_2\mu_2(S_{21})_2(N_{21})_2) - (1\beta_2\mu_2(S_{21})_2(I_{21})_2)}{((N_{21})_2)^2} \\
&= \beta_2\mu_2 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (E_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_5}{\partial (I_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (E_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_6}{\partial (I_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (E_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_7}{\partial (I_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (E_{21})_2} = 0 ; \\
\frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{12})_1} &= 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{12})_2} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{21})_1} = 0 ; \quad \frac{\partial \mathcal{F}_8}{\partial (I_{21})_2} = 0 .
\end{aligned}$$

Sehingga didapatkan matriks  $F$  adalah





$$A = \begin{pmatrix} k & -(b_{12})_{21} & 0 & 0 \\ -(b_{12})_{12} & l & 0 & 0 \\ 0 & 0 & m & -(b_{21})_{21} \\ 0 & 0 & -(b_{21})_{12} & n \end{pmatrix} \quad (4.29)$$

Dengan

$$k = (d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12} \quad m = (d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12}$$

$$l = (d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21} \quad n = (d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21}$$

2. Matriks  $B$  memiliki elemen- elemen sebagai berikut

$$B = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_4}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_4}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_4}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_4}{\partial (I_{21})_2} \end{pmatrix}$$

Sehingga didapatkan matriks  $B$  adalah

$$B = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

3. Matriks  $C$  memiliki elemen- elemen sebagai berikut

$$C = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (E_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (E_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (E_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (E_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (E_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (E_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (E_{21})_2} \end{pmatrix}$$

Sehingga didapatkan matriks  $C$  adalah

$$C = \begin{pmatrix} -(\gamma_{12})_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -(\gamma_{12})_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(\gamma_{21})_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -(\gamma_{21})_2 \end{pmatrix} \quad (4.30)$$



4. Matriks  $D$  memiliki elemen- elemen sebagai berikut

$$D = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_5}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_6}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_7}{\partial (I_{21})_2} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (I_{12})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (I_{12})_2} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (I_{21})_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_8}{\partial (I_{21})_2} \end{pmatrix}$$

Sehingga didapatkan matriks  $D$  adalah

$$(4.31) \quad \begin{pmatrix} ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2) \end{pmatrix}$$

Berdasarkan empat partisi tersebut dapat ditulis kembali kedalam matriks  $V$  sebagai berikut:

$$V = \begin{pmatrix} A & B \\ C & D \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a & c & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ b & d & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & e & g & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & f & h & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -(\gamma_{12})_1 & 0 & 0 & 0 & i & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -(\gamma_{12})_2 & 0 & 0 & 0 & j & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(\gamma_{21})_1 & 0 & 0 & 0 & k & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -(\gamma_{21})_2 & 0 & 0 & 0 & l \end{pmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned} a &= (d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12} & b &= -(b_{12})_{12} \\ c &= -(b_{12})_{21} & d &= (d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21} \\ e &= (d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12} & f &= -(b_{21})_{12} \\ g &= -(b_{21})_{21} & h &= (d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21} \\ i &= ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1) & j &= ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2) \\ k &= ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1) & l &= ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2) \end{aligned}$$

Dengan  $F$  non negatif dan  $V$  merupakan M-matriks non-singular. Sebelum mendapatkan invers dari matriks  $V$  maka ditunjukkan terlebih dahulu bahwa matriks  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular.

Berdasarkan Definisi 2.2 (Berman & Plemmons, 1979,  $M_{35}$ , p. 127). Matriks  $V$  merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika sebuah matriks  $V$  berukuran  $8 \times 8$  menunjukkan bentuk  $V = sI - B$ . Dimana  $s > \rho(B)$ ,  $\rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , dengan

$$\begin{aligned} s &= a + d + e + h + i + j + k + l \\ &= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\ &\quad + \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j) \end{aligned}$$

$$\text{dan } B = \begin{bmatrix} B_1 & B_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_9 & B_{10} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{19} & B_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{27} & B_{28} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_{33} & 0 & 0 & 0 & B_{37} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & B_{42} & 0 & 0 & 0 & B_{46} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{51} & 0 & 0 & 0 & B_{55} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{60} & 0 & 0 & 0 & B_{64} \end{bmatrix}$$

dengan

$$\begin{aligned} B_1 &= (d + e + h + i + j + k + l) \\ &= ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\ &\quad + \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} B_{10} &= (a + e + h + i + j + k + l) \\ &= ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \end{aligned}$$



$$+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)$$

$$B_{19} = (a + d + h + i + j + k + l)$$

$$= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)$$

$$+ ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)$$

$$B_{28} = (a + d + e + i + j + k + l)$$

$$= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)$$

$$+ \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) + ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})$$

$$B_{37} = (a + d + e + h + j + k + l)$$

$$= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)$$

$$+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)$$

$$B_{46} = (a + d + e + h + i + k + l)$$

$$= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)$$

$$+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)$$

$$B_{55} = (a + d + e + h + i + j + l)$$

$$\begin{aligned}
&= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\
&\quad + \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2) \\
B_{64} &= (a + d + e + h + i + j + k) \\
&= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\
&\quad + \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)
\end{aligned}$$

$$B_2 = -c = (b_{12})_{21}$$

$$B_{20} = -g = (b_{21})_{21}$$

$$B_9 = -b = (b_{12})_{12}$$

$$B_{27} = -f = (b_{21})_{12}$$

$$B_{33} = (\gamma_{12})_1$$

$$B_{42} = (\gamma_{12})_2$$

$$B_{51} = (\gamma_{21})_1$$

$$B_{60} = (\gamma_{21})_2$$

Selanjutnya akan ditunjukkan bahwa  $s > \rho(B)$ ,  $\rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$ , sebagai berikut

$$\begin{aligned}
&|B - \lambda I| = 0 \\
&\begin{vmatrix} B_1 - \lambda & B_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_9 & B_{10} - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{19} - \lambda & B_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{27} & B_{28} - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_{33} & 0 & 0 & 0 & B_{37} - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & B_{42} & 0 & 0 & 0 & B_{46} - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{51} & 0 & 0 & 0 & B_{55} - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{60} & 0 & 0 & 0 & B_{64} - \lambda \end{vmatrix} = 0
\end{aligned}$$

maka



$$(B_1 - \lambda)(B_{10} - \lambda) \begin{vmatrix} B_{19} - \lambda & B_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_{27} & B_{28} - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{37} - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{46} - \lambda & 0 & 0 \\ B_{51} & 0 & 0 & 0 & B_{55} - \lambda & 0 \\ 0 & B_{60} & 0 & 0 & 0 & B_{64} - \lambda \end{vmatrix}$$

$$-B_2 \cdot B_9 \begin{vmatrix} B_{19} - \lambda & B_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ B_{27} & B_{28} - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & B_{37} - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & B_{46} - \lambda & 0 & 0 \\ B_{51} & 0 & 0 & 0 & B_{55} - \lambda & 0 \\ 0 & B_{60} & 0 & 0 & 0 & B_{64} - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Setelah dijabarkan didapatkan

$$\begin{aligned} & ((B_1 - \lambda)(B_{10} - \lambda) - B_2 \cdot B_9) \\ & [((B_{19} - \lambda)(B_{28} - \lambda)(B_{37} - \lambda)(B_{46} - \lambda)(B_{55} - \lambda)(B_{64} - \lambda)) \\ & - (B_{20} \cdot B_{27} \cdot (B_{37} - \lambda)(B_{46} - \lambda)(B_{55} - \lambda)(B_{64} - \lambda))] = 0 \end{aligned}$$

Atau

$$\begin{aligned} & ((B_1 - \lambda)(B_{10} - \lambda) - B_2 \cdot B_9)(B_{37} - \lambda)(B_{46} - \lambda)(B_{55} - \lambda)(B_{64} - \lambda) \\ & [((B_{19} - \lambda)(B_{28} - \lambda)) - (B_{20} \cdot B_{27})] = 0 \end{aligned}$$

didapatkan nilai eigen dari matriks  $B$  adalah

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= B_{37} \\ &= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2) \\ &+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j) \quad (4.32) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \lambda_2 &= B_{46} \\ &= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1) \\ &+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j) \quad (4.33) \end{aligned}$$

$$\lambda_3 = B_{55}$$

$$\begin{aligned}
&= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\
&+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2) \quad (4.34)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\lambda_4 &= B_{64} \\
&= \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) + \sum_{j=1}^2 ((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j) \\
&+ \sum_{\substack{j,p=1 \\ j \neq p}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) + ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1) \quad (4.35)
\end{aligned}$$

sedangkan nilai eigen yang lain didapatkan dari

$$((B_1 - \lambda)(B_{10} - \lambda) - B_2 \cdot B_9) = 0$$

$$\lambda^2 - (B_1 + B_{10})\lambda + B_1 B_{10} - B_2 \cdot B_9 = 0$$

dengan menggunakan rumus ABC didapatkan

$$\begin{aligned}
\lambda_5 &= \frac{(B_1 + B_{10}) + \sqrt{(B_1 + B_{10})^2 - 4(B_1 B_{10} - B_2 \cdot B_9)}}{2} \\
&= \frac{(a + d + 2e + 2h + 2i + 2j + 2k + 2l) + \sqrt{(a - d)^2 + cb}}{2} \\
&= \frac{(a + d) + \sqrt{(a - d)^2 + cb}}{2} + (e + h + i + j + k + l) \quad (4.36)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\lambda_6 &= \frac{(B_1 + B_{10}) - \sqrt{(B_1 + B_{10})^2 - 4(B_1 B_{10} - B_2 \cdot B_9)}}{2} \\
&= \frac{(a + d + 2e + 2h + 2i + 2j + 2k + 2l) - \sqrt{(a - d)^2 + cb}}{2} \\
&= \frac{(a + d) - \sqrt{(a - d)^2 + cb}}{2} + (e + h + i + j + k + l) \quad (4.37)
\end{aligned}$$

dan

$$[(B_{19} - \lambda)(B_{28} - \lambda) - (B_{20} \cdot B_{27})] = 0$$

$$\lambda^2 - (B_{19} + B_{28})\lambda + B_{19}B_{28} - B_{20} \cdot B_{27} = 0$$



maka didapatkan nilai eigen yang lain dengan menggunakan rumus ABC sebagai berikut

$$\begin{aligned}\lambda_7 &= \frac{(B_{19} + B_{28}) + \sqrt{(B_{19} + B_{28})^2 - 4(B_{19}B_{28} - B_{20} \cdot B_{27})}}{2} \\ &= \frac{(2a + 2d + e + h + 2i + 2j + 2k + 2l) + \sqrt{(e - h)^2 + fg}}{2} \\ &= \frac{(e + h) + \sqrt{(e - h)^2 + fg}}{2} + (a + d + i + j + k + l) \quad (4.38)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\lambda_8 &= \frac{(B_{19} + B_{28}) - \sqrt{(B_{19} + B_{28})^2 - 4(B_{19}B_{28} - B_{20} \cdot B_{27})}}{2} \\ &= \frac{(2a + 2d + e + h + 2i + 2j + 2k + 2l) - \sqrt{(e - h)^2 + fg}}{2} \\ &= \frac{(e + h) - \sqrt{(e - h)^2 + fg}}{2} + (a + d + i + j + k + l) \quad (4.39)\end{aligned}$$

Berdasarkan nilai eigen-eigen yang telah diperoleh pada persamaan (4.32) – (4.39) sehingga didapatkan  $\rho(B)$  maksimum modulus dari nilai eigen  $B$  adalah

$$\rho(B) = \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_6|, |\lambda_7|, |\lambda_8|\},$$

dimana  $\lambda_5 > \lambda_6$  dan  $\lambda_7 > \lambda_8$

Sehingga didapatkan  $\rho(B) = \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_7|\}$

Ini berarti terdapat enam kemungkinan nilai  $\rho(B)$  yaitu

1. Jika  $|\lambda_1| > (|\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_7|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_1$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$  -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ .

Dimana telah diperoleh  $\lambda_1 = (a + d + e + h + j + k + l)$ , dan

$s = a + d + e + h + i + j + k + l$  sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$  -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2.

2. Jika  $|\lambda_2| > (|\lambda_1|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_7|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_2$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$  -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ .

Dimana telah diperoleh  $\lambda_2 = (a + d + e + h + i + k + l)$ , dan

$s = a + d + e + h + i + j + k + l$ . sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2

3. Jika  $|\lambda_3| > (|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_7|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_3$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ . Dimana telah diperoleh  $\lambda_3 = (a + d + e + h + i + j + l)$  dan

$s = a + d + e + h + i + j + k + l$ . sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2

4. Jika  $|\lambda_4| > (|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_5|, |\lambda_7|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_4$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ . Dimana telah diperoleh  $\lambda_4 = (a + d + e + h + i + j + k)$  dan

$s = a + d + e + h + i + j + k + l$ . sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2

5. Jika  $|\lambda_5| > (|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_7|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_5$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ .

Dimana telah diperoleh  $\lambda_5 = \frac{(a+d)+\sqrt{(a-d)^2+cb}}{2} + (e + h + i + j + k + l)$  dan

$s = a + d + e + h + i + j + k + l$ . sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2

6. Jika  $|\lambda_7| > (|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|)$  maka  $\rho(B) = \lambda_7$

Berdasarkan definisi 2.2 untuk membuktikan bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular maka harus memenuhi  $V = sI - B$  dengan  $s > \rho(B)$ .

Dimana telah diperoleh  $\lambda_7 = \frac{(e+h)+\sqrt{(e-h)^2+fg}}{2} + (a + d + i + j + k + l)$  dan



$s = a + d + e + h + i + j + k + l$ . sehingga  $s > \rho(B)$  dengan begitu terbukti bahwa  $V$  adalah  $M$ -matriks non singular karena memenuhi Definisi 2.2

Dapat disimpulkan dari enam kemungkinan tersebut bahwa  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular karena selalu  $s > \rho(B)$ . Setelah dibuktikan  $V$  merupakan  $M$ -matriks non singular berdasarkan (Driessche & Wetmough, 2002). Berikut ini akan didapatkan invers dari matriks  $V$  yaitu:

Dengan matriks  $V = \begin{pmatrix} A & 0 \\ C & D \end{pmatrix}$  dan diberikan matriks  $V^{-1} = \begin{pmatrix} E & F \\ G & H \end{pmatrix}$ . Telah diketahui bahwa  $V \cdot V^{-1} = I$ . Berikut ini akan dicari matriks  $V^{-1}$  sebagai berikut

$$\begin{aligned} V \cdot V^{-1} &= I \\ \begin{pmatrix} A & 0 \\ C & D \end{pmatrix} \begin{pmatrix} E & F \\ G & H \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \\ \begin{pmatrix} AE & AF \\ CE + DG & CF + DH \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Sehingga didapatkan

1. Matriks  $E$  dengan diketahui

$$AE = 1$$

maka  $E = A^{-1}$

2. Matriks  $F$  dengan diketahui

$$AF = 0 \text{ dengan } A \neq 0$$

maka  $F = 0$

3. Matriks  $H$  dengan diketahui

$$CF + DH = 1 \text{ dengan } F = 0$$

maka  $DH = 1$

$$H = D^{-1}$$

4. Matriks  $G$  dengan diketahui

$$CE + DG = 0$$

$$DG = -CE$$

$$G = -D^{-1}CE$$

maka  $G = -D^{-1}CA^{-1}$

Sehingga didapatkan matriks  $V^{-1}$  sebagai berikut:

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} E & F \\ G & H \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A^{-1} & 0 \\ -D^{-1}CA^{-1} & D^{-1} \end{pmatrix}$$

dengan matriks  $A$  yang terdapat pada Persamaan (4.29) didapatkan matriks  $A^{-1}$  sebagai berikut

$$A^{-1} = \frac{1}{\det A} \begin{pmatrix} a_{11} & -a_{21} & a_{31} & -a_{41} \\ -a_{12} & a_{22} & -a_{32} & a_{42} \\ a_{13} & -a_{23} & a_{33} & -a_{43} \\ -a_{14} & a_{24} & -a_{34} & a_{44} \end{pmatrix}$$

dengan

$\det A =$

$$\begin{aligned} & k \begin{vmatrix} l & 0 & 0 \\ 0 & m & -(b_{21})_{21} \\ 0 & -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{12} & 0 & 0 \\ 0 & m & -(b_{21})_{21} \\ 0 & -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} \\ &= (kl)(mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) - ((b_{12})_{21}(b_{12})_{12})(mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\ &= (mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21})(kl - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}) \\ &= \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \right) \\ & \quad \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \right) \end{aligned}$$

dan

$$\begin{aligned} a_{11} &= l \begin{vmatrix} m & -(b_{21})_{21} \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} \\ &= l(mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\ &= ((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21}). \end{aligned}$$

$$\left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \right)$$

$$a_{12} = -(b_{12})_{12} \begin{vmatrix} m & -(b_{21})_{21} \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix}$$



$$\begin{aligned}
&= -(b_{12})_{12}(mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\
&= -(b_{12})_{12} \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \right) \\
a_{13} &= -(b_{12})_{12} \begin{vmatrix} 0 & -(b_{21})_{21} \\ 0 & n \end{vmatrix} - l \begin{vmatrix} 0 & -(b_{21})_{21} \\ 0 & n \end{vmatrix} = 0 \\
a_{14} &= -(b_{12})_{12} \begin{vmatrix} 0 & m \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} - l \begin{vmatrix} 0 & m \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} = 0 \\
a_{21} &= -(b_{12})_{21} \begin{vmatrix} m & -(b_{21})_{21} \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} \\
&= -(b_{12})_{21}(mn - (b_{21})_{12}(b_{21})_{21}) \\
&= -(b_{12})_{21} \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \right) \\
a_{22} &= k \begin{vmatrix} m & -(b_{21})_{21} \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} \\
&= ((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12}) \cdot \\
&\quad \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \right) \\
a_{23} &= k \begin{vmatrix} 0 & -(b_{21})_{21} \\ 0 & n \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} 0 & -(b_{21})_{21} \\ 0 & n \end{vmatrix} = 0 \\
a_{24} &= k \begin{vmatrix} 0 & m \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} 0 & m \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} = 0 \\
a_{31} &= -(b_{12})_{21} \begin{vmatrix} 0 & 0 \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} = 0 \\
a_{32} &= k \begin{vmatrix} 0 & 0 \\ -(b_{21})_{12} & n \end{vmatrix} = 0 \\
a_{33} &= k \begin{vmatrix} l & 0 \\ 0 & n \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{12} & 0 \\ 0 & n \end{vmatrix} \\
&= n(kl - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}) \\
&= ((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21}).
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \right) \\
a_{34} &= k \begin{vmatrix} l & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{12} & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{12} \end{vmatrix} \\
&= -(b_{21})_{12}(kl - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}) \\
&= -(b_{21})_{12} \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \right) \\
a_{41} &= -(b_{12})_{21} \begin{vmatrix} 0 & 0 \\ m & -(b_{21})_{21} \end{vmatrix} = 0 \\
a_{42} &= k \begin{vmatrix} 0 & 0 \\ m & -(b_{21})_{21} \end{vmatrix} = 0 \\
a_{43} &= k \begin{vmatrix} l & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{21} \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{12} & 0 \\ 0 & -(b_{21})_{21} \end{vmatrix} \\
&= -kl(b_{21})_{21} + (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}(b_{21})_{21} \\
&= -(b_{21})_{21}(kl - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}) \\
&= -(b_{21})_{21} \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \right) \\
a_{44} &= k \begin{vmatrix} l & 0 \\ 0 & m \end{vmatrix} + (b_{12})_{21} \begin{vmatrix} -(b_{12})_{12} & 0 \\ 0 & m \end{vmatrix} \\
&= m(kl - (b_{12})_{21}(b_{12})_{12}) \\
&= ((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12}). \\
& \left( \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \right)
\end{aligned}$$

Sehingga didapatkan matriks



$$\begin{aligned}
A^{-1} &= \frac{1}{\det A} \begin{pmatrix} a_{11} & -a_{21} & 0 & 0 \\ -a_{12} & a_{22} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{33} & -a_{43} \\ 0 & 0 & -a_{34} & a_{44} \end{pmatrix} \\
&= \begin{pmatrix} \frac{a_{11}}{\det A} & \frac{a_{21}}{\det A} & 0 & 0 \\ \frac{a_{12}}{\det A} & \frac{a_{22}}{\det A} & \frac{a_{33}}{\det A} & \frac{a_{43}}{\det A} \\ 0 & 0 & \frac{a_{34}}{\det A} & \frac{a_{44}}{\det A} \\ 0 & 0 & \frac{a_{34}}{\det A} & \frac{a_{44}}{\det A} \end{pmatrix} \quad (4.40)
\end{aligned}$$

dengan

$$\frac{a_{11}}{\det A} = \frac{((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{12}}{\det A} = \frac{(b_{12})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{21}}{\det A} = \frac{(b_{12})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{22}}{\det A} = \frac{((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{33}}{\det A} = \frac{((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{34}}{\det A} = \frac{(b_{21})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{43}}{\det A} = \frac{(b_{21})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$\frac{a_{44}}{\det A} = \frac{((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

Nilai invers matriks  $D$  yang terdapat pada persamaan (4.31) didapatkan sebagai berikut

$$D^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)} & 1 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)} & 1 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)} & 1 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)} \end{pmatrix} \quad (4.41)$$

Nilai invers dari matriks  $C$  yang terdapat pada persamaan (4.30) didapatkan dengan  $C^{-1} = -D^{-1}CA^{-1}$

$$= \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)} & 1 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)} & 1 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)} & 1 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)} \end{pmatrix}.$$

$$\begin{pmatrix} (\gamma_{12})_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (\gamma_{12})_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (\gamma_{21})_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (\gamma_{21})_2 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \frac{a_{11}}{\det A} & \frac{a_{21}}{\det A} & 0 & 0 \\ \frac{a_{12}}{\det A} & \frac{a_{22}}{\det A} & \frac{a_{33}}{\det A} & \frac{a_{43}}{\det A} \\ 0 & 0 & \frac{a_{34}}{\det A} & \frac{a_{44}}{\det A} \\ 0 & 0 & \frac{a_{34}}{\det A} & \frac{a_{44}}{\det A} \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} A & B & 0 & 0 \\ C & D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & E & F \\ 0 & 0 & G & H \end{pmatrix} \quad (4.42)$$

dengan

$$A = \frac{a_{11}(\gamma_{12})_1}{\det A ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)}$$

$$B = \frac{a_{21}(\gamma_{12})_1}{\det A ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)}$$

$$C = \frac{a_{12}(\gamma_{12})_2}{\det A ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)}$$

$$D = \frac{a_{22}(\gamma_{12})_2}{\det A ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)}$$



$$E = \frac{a_{33}(\gamma_{21})_1}{\det A((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)}$$

$$F = \frac{a_{43}(\gamma_{21})_1}{\det A((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)}$$

$$G = \frac{a_{34}(\gamma_{21})_2}{\det A((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)}$$

$$H = \frac{a_{44}(\gamma_{21})_2}{\det A((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)}$$

Dari persamaan (4.40), (4.41), dan (4.42) dapat dibentuk matriks  $V^{-1}$  sebagai berikut

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} A^{-1} & 0 \\ -D^{-1}CA^{-1} & D^{-1} \end{pmatrix}$$

atau dapat dituliskan sebagai berikut

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} v_1 & v_2 & v_3 & v_4 & v_5 & v_6 & v_7 & v_8 \\ v_9 & v_{10} & v_{11} & v_{12} & v_{13} & v_{14} & v_{15} & v_{16} \\ v_{17} & v_{18} & v_{19} & v_{20} & v_{21} & v_{22} & v_{23} & v_{24} \\ v_{25} & v_{26} & v_{27} & v_{28} & v_{29} & v_{30} & v_{31} & v_{32} \\ v_{33} & v_{34} & v_{35} & v_{36} & v_{37} & v_{38} & v_{39} & v_{40} \\ v_{41} & v_{42} & v_{43} & v_{44} & v_{45} & v_{46} & v_{47} & v_{48} \\ v_{49} & v_{50} & v_{51} & v_{52} & v_{53} & v_{54} & v_{55} & v_{56} \\ v_{57} & v_{58} & v_{59} & v_{60} & v_{61} & v_{62} & v_{63} & v_{64} \end{pmatrix}$$

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} v_1 & v_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ v_9 & v_{10} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{19} & v_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{27} & v_{28} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ v_{33} & v_{34} & 0 & 0 & v_{37} & 0 & 0 & 0 \\ v_{41} & v_{42} & 0 & 0 & 0 & v_{46} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{51} & v_{52} & 0 & 0 & v_{55} & 0 \\ 0 & 0 & v_{59} & v_{60} & 0 & 0 & 0 & v_{64} \end{pmatrix}$$

dengan

$$v_1 = \frac{((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$v_2 = \frac{(b_{12})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$v_9 = \frac{(b_{12})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$v_{10} = \frac{((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right)}$$

$$v_{19} = \frac{((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$v_{20} = \frac{(b_{21})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$v_{27} = \frac{(b_{21})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$v_{28} = \frac{(d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right)}$$

$$v_{33} = \frac{((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21}) (\gamma_{12})_1}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right) ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)}$$

$$v_{34} = \frac{(\gamma_{12})_1 (b_{12})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right) ((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)}$$

$$v_{37} = \frac{1}{((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)}$$

$$v_{41} = \frac{(\gamma_{12})_2 (b_{12})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right) ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)}$$



$$v_{42} = \frac{((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(\gamma_{12})_2}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{12})_{jk} \right) ((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)}$$

$$v_{46} = \frac{1}{((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)}$$

$$v_{51} = \frac{((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(\gamma_{21})_1}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right) ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)}$$

$$v_{52} = \frac{(\gamma_{21})_1 (b_{21})_{21}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right) ((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)}$$

$$v_{55} = \frac{1}{((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)}$$

$$v_{59} = \frac{(\gamma_{21})_2 (b_{21})_{12}}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right) ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)}$$

$$v_{60} = \frac{((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(\gamma_{21})_2}{\left( \left( \prod_{j \neq k}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{j \neq k}^2 (b_{21})_{jk} \right) ((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)}$$

$$v_{64} = \frac{1}{((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)}$$

Sehingga didapatkan matriks  $FV^{-1}$  sebagai berikut

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_1 \mu_1 & 0 & \beta_1 \mu_1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_1 \mu_1 & 0 & \beta_1 \mu_1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_2 \mu_2 & 0 & \beta_2 \mu_2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_2 \mu_2 & 0 & \beta_2 \mu_2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 & v_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ v_9 & v_{10} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{19} & v_{20} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{27} & v_{28} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ v_{33} & v_{34} & 0 & 0 & v_{37} & 0 & 0 & 0 \\ v_{41} & v_{42} & 0 & 0 & 0 & v_{46} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{51} & v_{52} & 0 & 0 & v_{55} & 0 \\ 0 & 0 & v_{59} & v_{60} & 0 & 0 & 0 & v_{64} \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} v_{33}\beta_1\mu_1 & v_{34}\beta_1\mu_1 & v_{51}\beta_1\mu_1 & v_{52}\beta_1\mu_1 & v_{37}\beta_1\mu_1 & 0 & v_{55}\beta_1\mu_1 & 0 \\ v_{41}\beta_1\mu_1 & v_{42}\beta_1\mu_1 & v_{59}\beta_1\mu_1 & v_{60}\beta_1\mu_1 & 0 & v_{46}\beta_1\mu_1 & 0 & v_{64}\beta_1\mu_1 \\ v_{33}\beta_2\mu_2 & v_{34}\beta_2\mu_2 & v_{51}\beta_2\mu_2 & v_{52}\beta_2\mu_2 & v_{37}\beta_2\mu_2 & 0 & v_{55}\beta_2\mu_2 & 0 \\ v_{41}\beta_2\mu_2 & v_{42}\beta_2\mu_2 & v_{59}\beta_2\mu_2 & v_{60}\beta_2\mu_2 & 0 & v_{46}\beta_2\mu_2 & 0 & v_{64}\beta_2\mu_2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$|FV^{-1} - \lambda I| = 0$$

$$\lambda^4 \begin{vmatrix} v_{33}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{34}\beta_1\mu_1 & v_{51}\beta_1\mu_1 & v_{52}\beta_1\mu_1 \\ v_{41}\beta_1\mu_1 & v_{42}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{59}\beta_1\mu_1 & v_{60}\beta_1\mu_1 \\ v_{33}\beta_2\mu_2 & v_{34}\beta_2\mu_2 & v_{51}\beta_2\mu_2 - \lambda & v_{52}\beta_2\mu_2 \\ v_{41}\beta_2\mu_2 & v_{42}\beta_2\mu_2 & v_{59}\beta_2\mu_2 & v_{60}\beta_2\mu_2 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$\lambda^4 = 0 \text{ dan } \begin{vmatrix} v_{33}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{34}\beta_1\mu_1 & v_{51}\beta_1\mu_1 & v_{52}\beta_1\mu_1 \\ v_{41}\beta_1\mu_1 & v_{42}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{59}\beta_1\mu_1 & v_{60}\beta_1\mu_1 \\ v_{33}\beta_2\mu_2 & v_{34}\beta_2\mu_2 & v_{51}\beta_2\mu_2 - \lambda & v_{52}\beta_2\mu_2 \\ v_{41}\beta_2\mu_2 & v_{42}\beta_2\mu_2 & v_{59}\beta_2\mu_2 & v_{60}\beta_2\mu_2 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

didapatkan

$$\lambda_1 = 0, \lambda_2 = 0, \lambda_3 = 0, \lambda_4 = 0$$

dan

$$\begin{vmatrix} v_{33}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{34}\beta_1\mu_1 & v_{51}\beta_1\mu_1 & v_{52}\beta_1\mu_1 \\ v_{41}\beta_1\mu_1 & v_{42}\beta_1\mu_1 - \lambda & v_{59}\beta_1\mu_1 & v_{60}\beta_1\mu_1 \\ v_{33}\beta_2\mu_2 & v_{34}\beta_2\mu_2 & v_{51}\beta_2\mu_2 - \lambda & v_{52}\beta_2\mu_2 \\ v_{41}\beta_2\mu_2 & v_{42}\beta_2\mu_2 & v_{59}\beta_2\mu_2 & v_{60}\beta_2\mu_2 - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Didapatkan

$$\lambda^2(\lambda^2 - (v_{33}\beta_1\mu_1 + v_{42}\beta_1\mu_1 + v_{51}\beta_2\mu_2 + v_{60}\beta_2\mu_2)\lambda + (v_{33} \cdot v_{42}\beta_1^2\mu_1^2 + v_{33} \cdot v_{60}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 + v_{42} \cdot v_{51}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 + v_{51} \cdot v_{60}\beta_2^2\mu_2^2 - v_{59} \cdot v_{52}\beta_2^2\mu_2^2 - v_{34} \cdot v_{41}\beta_1^2\mu_1^2 - v_{34} \cdot v_{59}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 - v_{41} \cdot v_{52}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2)) = 0$$

Sehingga nilai eigen yang lain adalah

$$\lambda^2 = 0$$

$$\text{Didapatkan } \lambda_5 = 0, \lambda_6 = 0$$

dan nilai eigen dari persamaan berikut digunakan rumus ABC

$$\lambda^2 - (v_{33}\beta_1\mu_1 + v_{42}\beta_1\mu_1 + v_{51}\beta_2\mu_2 + v_{60}\beta_2\mu_2)\lambda + (v_{33} \cdot v_{42}\beta_1^2\mu_1^2 + v_{33} \cdot v_{60}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 + v_{42} \cdot v_{51}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 + v_{51} \cdot v_{60}\beta_2^2\mu_2^2 - v_{59} \cdot v_{52}\beta_2^2\mu_2^2 - v_{34} \cdot v_{41}\beta_1^2\mu_1^2 - v_{34} \cdot v_{59}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 - v_{41} \cdot v_{52}\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2) = 0$$

Didapatkan nilai eigen yang lain



$$\lambda_7 = \frac{-b - \sqrt{b^2 - 4c}}{2a} \quad \text{dan} \quad \lambda_8 = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2a}$$

Sehingga bilangan reproduksi dasar dari operator generasi selanjutnya pada lintasan, yaitu

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_{0_3} &= \rho(FV^{-1}) \\ &= \max \{|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|, |\lambda_4|, |\lambda_5|, |\lambda_6|, |\lambda_7|, |\lambda_8|\} \\ &= \max \left\{ 0, 0, 0, 0, 0, 0, \frac{-b - \sqrt{b^2 - 4c}}{2a}, \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2a} \right\} \\ &= \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2a} \end{aligned} \quad (4.43)$$

dimana telah diketahui dari persamaan (4.43) sebagai berikut

$$\begin{aligned} b &= -(v_{33}\beta_1\mu_1 + v_{42}\beta_1\mu_1 + v_{51}\beta_2\mu_2 + v_{60}\beta_2\mu_2) \\ &= -((v_{33} + v_{42})\beta_1\mu_1 + (v_{51} + v_{60})\beta_2\mu_2) \\ &= -\left( \frac{((d_{12})_2 + (\gamma_{12})_2 + (b_{12})_{21})(\gamma_{12})_1}{(w)((d_{12})_1 + (\varphi_{12})_1)} + \frac{((d_{12})_1 + (\gamma_{12})_1 + (b_{12})_{12})(\gamma_{12})_2}{(w)((d_{12})_2 + (\varphi_{12})_2)} \right) \beta_1\mu_1 \\ &\quad - \left( \frac{((d_{21})_2 + (\gamma_{21})_2 + (b_{21})_{21})(\gamma_{21})_1}{(z)((d_{21})_1 + (\varphi_{21})_1)} + \frac{((d_{21})_1 + (\gamma_{21})_1 + (b_{21})_{12})(\gamma_{21})_2}{(z)((d_{21})_2 + (\varphi_{21})_2)} \right) \beta_2\mu_2 \\ &= -\left( \frac{\sum_{j,p=1}^2 \left( ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp})((d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)(\gamma_{12})_p \right)}{(w)(\prod_{j=1}^2 (d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)} \right) \beta_1\mu_1 \\ &\quad - \left( \frac{\sum_{j,p=1}^2 \left( ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp})((d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)(\gamma_{21})_p \right)}{(z)(\prod_{j=1}^2 (d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)} \right) \beta_2\mu_2 \end{aligned} \quad (4.44)$$

dan nilai dari  $c$  adalah

$$\begin{aligned} c &= (v_{33} \cdot v_{42} - v_{34} \cdot v_{41})\beta_1^2\mu_1^2 + (v_{51} \cdot v_{60} - v_{59} \cdot v_{52})\beta_2^2\mu_2^2 \\ &\quad + (v_{33} \cdot v_{60} + v_{42} \cdot v_{51} - v_{34} \cdot v_{59} - v_{41} \cdot v_{52})\beta_1\beta_2\mu_1\mu_2 \\ &= \frac{\prod_{j,p=1}^2 (\gamma_{12})_p \left( \prod_{j,p=1}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jp}) - \prod_{j,p=1}^2 (b_{12})_{jp} \right) \beta_1^2\mu_1^2}{(w)^2(\prod_{j=1}^2 (d_{12})_j + (\varphi_{12})_j)} + \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& \frac{\prod_{j,p=1}^2 (\gamma_{21})_p \left( \prod_{j \neq p}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jp}) - \prod_{j \neq p}^2 (b_{21})_{jp} \right) \beta_2^2 \mu_2^2}{(z)^2 (\prod_{j=1}^2 (d_{21})_j + (\varphi_{21})_j)} + \\
& \frac{\prod_{i,k=1}^2 (\gamma_{ik})_i \left( \prod_{i \neq k}^2 ((d_{ik})_k + (\gamma_{ik})_k + (b_{ik})_{ki}) - \prod_{i \neq k}^2 (b_{ik})_{ki} \right) \beta_1 \beta_2 \mu_1 \mu_2}{(z)(w) \left( \prod_{i \neq k}^2 (d_{ik})_i + (\varphi_{ik})_i \right)} + \\
& \frac{\prod_{i,k=1}^2 (\gamma_{ik})_k \left( \prod_{i \neq k}^2 ((d_{ik})_i + (\gamma_{ik})_i + (b_{ik})_{ik}) - \prod_{i \neq k}^2 (b_{ik})_{ik} \right) \beta_1 \beta_2 \mu_1 \mu_2}{(z)(w) \left( \prod_{i \neq k}^2 (d_{ik})_k + (\varphi_{ik})_k \right)} \quad (4.45)
\end{aligned}$$

dengan

$$\begin{aligned}
(w) &= \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{12})_{jk} \\
&= \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{12})_j + (\gamma_{12})_j + (b_{12})_{jk}) - (b_{12})_{21} (b_{12})_{12} \\
(z) &= \left( \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) \right) - \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 (b_{21})_{jk} \\
&= \prod_{\substack{j,k=1 \\ j \neq k}}^2 ((d_{21})_j + (\gamma_{21})_j + (b_{21})_{jk}) - (b_{21})_{21} (b_{21})_{12}
\end{aligned}$$

Berdasarkan Teorema 2.1 Jika  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik lokal, jika  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil.

Sehingga untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$  yaitu dimana kondisi pada lintasan dalam keadaan bebas penyakit maka

$$\frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2} < 1 \text{ jika } \sqrt{b^2 - 4c} < 2 + b \text{ dengan } b^2 > 4c$$

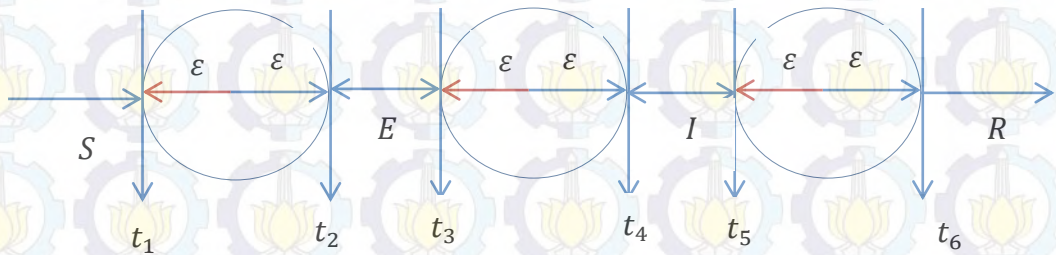


dan untuk memenuhi  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$  yaitu dimana kondisi pada lintasan dalam keadaan endemik maka

$$\frac{-b + \sqrt{b^2 - 4c}}{2} > 1 \text{ jika } \sqrt{b^2 - 4c} > 2 + b \text{ dengan } b^2 > 4c$$

#### 4.3.4 Analisis Eksistensi dan Ketunggalan

Analisis ini bertujuan untuk mengetahui bahwa model memiliki penyelesaian ada dan tunggal, selain itu sebagai representasi dari model yang dibangun berdasarkan fenomena pada objek pengamatan. Sebelum dilakukan analisis eksistensi dan ketunggalan dilakukan penyederhanaan sistem terlebih dahulu pada Sistem Persamaan (4.24). Penyederhanaan sistem dilakukan dalam rangka untuk menekankan terjadinya evolusi model pada subpopulasi yang diamati. Berikut ini diagram yang menggambarkan perubahan status dari individual



Gambar 4.18. Diagram perubahan status dari individual.

a. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_1}{dt} = & (d_{12})_1(N_{12})_1 - (d_{12})_1(S_{12})_1 - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2 - (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  maka interaksi yang terjadi di lintasan satu antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*. Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$ . Interaksi individual  $((s_{12})_1, (i_{12})_1)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(p_{12})_1$  dan  $((s_{12})_1, (i_{21})_1)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional



sebesar  $(q_{12})_1$ . Dimana  $0 < (p_{12})_1 < 1$  dan  $0 < (q_{12})_1 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $((s_{12})_1, (i_{12})_1) \approx (e_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1$  adalah  $(p_{12})_1 (E_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{12})_1)(s_{12})_1$  dan individu  $((s_{12})_1, (i_{21})_1) \approx (e_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1$  adalah  $(q_{12})_1 (E_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{12})_1)(s_{12})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $((s_{12})_1, (i_{12})_1) \approx (s_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1$  adalah  $(p_{12})_1 (s_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{12})_1)(E_{12})_1$  dan individu  $((s_{12})_1, (i_{21})_1) \approx (s_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1$  adalah  $(q_{12})_1 (s_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{12})_1)(E_{12})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1$  sebesar  $(p_{12})_1 (E_{12})_1$  dan  $(1 - (p_{12})_1)(s_{12})_1$  dimana  $0 < (p_{12})_1 < 1$  sebagai proporsi dan terdapat transisi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1$  sebesar  $(q_{12})_1 (E_{12})_1$  dan  $(1 - (q_{12})_1)(s_{12})_1$  dimana  $0 < (q_{12})_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(s_{12})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $(s_{12})_1$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Selain itu kelahiran setiap subpopulasi memiliki kekebalan alami pada interval waktu  $t \in [t_0, t_1]$  menyebabkan setiap subpopulasi yang lahir masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \sigma_1$  dimana  $t_0 < \sigma_1 < t_1$  kelahiran pada setiap subpopulasi memiliki proposional sebesar  $\lambda_i$  yang menyebabkan setiap kelahiran mempunyai peluang sehat karena setiap kelahiran mempunyai kekebalan alami, Dimana  $0 < \lambda_i < 1$ .



Sehingga  $(d_{12})_1(E_{12})_1 \approx (S_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_1(E_{12})_1$  adalah  $\lambda_1(S_{12})_1$ .  $(d_{12})_1(I_{12})_1 \approx (S_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_1(I_{12})_1$  adalah  $\lambda_2(S_{12})_1$ , dan  $(d_{12})_1(R_{12})_1 \approx (S_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_1(R_{12})_1$  adalah  $\lambda_3(S_{12})_1$ .

Oleh karena itu model pada persamaan subpopulasi *susceptible* dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan satu sebagai berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_1}{dt} = & (d_{12})_1(E_{12})_1 + (d_{12})_1(I_{12})_1 + (d_{12})_1(R_{12})_1 - \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_1}{(N_{12})_1} (I_{21})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2 - (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned}$$

menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_1}{dt} = & \lambda_1(S_{12})_1 + \lambda_2(S_{12})_1 + \lambda_3(S_{12})_1 - (1 - (p_{12})_1)(s_{12})_1 \\ & - (1 - (q_{12})_1)(s_{12})_1 + (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \\ & - (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned} \quad (4.46)$$

b. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_2}{dt} = & (d_{12})_2(N_{12})_2 - (d_{12})_2(S_{12})_2 - \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 \\ & - \beta_1 \mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1 - (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  maka interaksi yang terjadi di lintasan dua antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*.

Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$ . Interaksi individual  $((s_{12})_2, (i_{12})_2)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(p_{12})_2$  dan  $((s_{12})_2, (i_{21})_2)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(q_{12})_2$ . Dimana  $0 < (p_{12})_2 < 1$  dan  $0 < (q_{12})_2 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.



Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $((s_{12})_2, (i_{12})_2) \approx (e_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2$  adalah  $(p_{12})_2 (E_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{12})_2)(s_{12})_2$  dan individu  $((s_{12})_2, (i_{21})_2) \approx (e_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2$  adalah  $(q_{12})_2 (E_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{12})_2)(s_{12})_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $((s_{12})_2, (i_{12})_2) \approx (s_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2$  adalah  $(p_{12})_2 (s_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{12})_2)(E_{12})_2$  dan individu  $((s_{12})_2, (i_{21})_2) \approx (s_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2$  adalah  $(q_{12})_2 (s_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{12})_2)(E_{12})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2$  sebesar  $(p_{12})_2 (E_{12})_2$  dan  $(1 - (p_{12})_2)(s_{12})_2$  dimana  $0 < (p_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi dan transisi  $\beta_1 \mu_1 \frac{(s_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2$  sebesar  $(q_{12})_2 (E_{12})_2$  dan  $(1 - (q_{12})_2)(s_{12})_2$  dimana  $0 < (q_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(s_{12})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $(s_{12})_2$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Selain itu kelahiran setiap subpopulasi memiliki kekebalan alami pada interval waktu  $t \in [t_0, t_1]$  menyebabkan setiap subpopulasi yang lahir masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \sigma_1$  dimana  $t_0 < \sigma_1 < t_1$  kelahiran pada setiap subpopulasi memiliki proposional sebesar  $\lambda_i$  yang menyebabkan setiap kelahiran mempunyai peluang sehat karena setiap kelahiran mempunyai kekebalan alami, Dimana  $0 < \lambda_i < 1$ .

Sehingga  $(d_{12})_2 (E_{12})_2 \approx (S_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_2 (E_{12})_2$  adalah  $\lambda_4 (S_{12})_2$ .  $(d_{12})_1 (I_{12})_2 \approx (S_{12})_2$  atau dapat dikatakan



bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_2(I_{12})_2$  adalah  $\lambda_5(S_{12})_2$ , dan  $(d_{12})_2(R_{12})_2 \approx (S_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{12})_2(R_{12})_2$  adalah  $\lambda_6(S_{12})_2$ .

Oleh karena itu model pada persamaan subpopulasi *suscpetible* dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan dua sebagai berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_2}{dt} = & (d_{12})_2(N_{12})_2 - (d_{12})_2(S_{12})_2 - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{12})_2 \\ & - \beta_1\mu_1 \frac{(S_{12})_2}{(N_{12})_2} (I_{21})_2 + (b_{12})_{12}(S_{12})_1 - (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \end{aligned}$$

menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{12})_2}{dt} = & \lambda_4(S_{12})_2 + \lambda_5(S_{12})_2 + \lambda_6(S_{12})_2 - (1 - (p_{12})_2)(s_{12})_2 \\ & - (1 - (q_{12})_2)(s_{12})_2 - (b_{12})_{21}(S_{12})_2 \\ & + (b_{12})_{12}(S_{12})_1 \end{aligned} \quad (4.47)$$

c. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_1}{dt} = & (d_{21})_1(N_{21})_1 - (d_{21})_1(S_{21})_1 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2 - (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  maka interaksi yang terjadi di lintasan satu antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*. Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$ . Interaksi individual  $((s_{21})_1, (i_{21})_1)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(p_{21})_1$  dan  $((s_{21})_1, (i_{12})_1)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(q_{21})_1$ . Dimana  $0 < (p_{21})_1 < 1$  dan  $0 < (q_{21})_1 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $((s_{21})_1, (i_{21})_1) \approx (e_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1$  adalah  $(p_{21})_1 (E_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{21})_1)(s_{21})_1$  dan individu  $((s_{21})_1, (i_{12})_1) \approx (e_{21})_1$  atau dapat dikatakan



bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1$  adalah  $(q_{21})_1 (E_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{21})_1)(s_{21})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $((s_{21})_1, (i_{21})_1) \approx (s_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1$  adalah  $(p_{21})_1 (s_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{21})_1)(E_{21})_1$  dan individu  $((s_{21})_1, (i_{12})_1) \approx (s_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1$  adalah  $(q_{21})_1 (s_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{21})_1)(E_{21})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1$  sebesar  $(p_{21})_1 (E_{21})_1$  dan  $(1 - (p_{21})_1)(s_{21})_1$  dimana  $0 < (p_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi dan transisi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1$  sebesar  $(q_{21})_1 (E_{21})_1$  dan  $(1 - (q_{21})_1)(s_{21})_1$  dimana  $0 < (q_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi. Artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(s_{21})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $(s_{21})_1$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Selain itu kelahiran setiap subpopulasi memiliki kekebalan alami pada interval waktu  $t \in [t_0, t_1]$  menyebabkan setiap subpopulasi yang lahir masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \sigma_1$  dimana  $t_0 < \sigma_1 < t_1$  kelahiran pada setiap subpopulasi memiliki proposional sebesar  $\lambda_i$  yang menyebabkan setiap kelahiran mempunyai peluang sehat karena setiap kelahiran mempunyai kekebalan alami, Dimana  $0 < \lambda_i < 1$ .

Sehingga  $(d_{21})_1 (E_{21})_1 \approx (S_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_1 (E_{21})_1$  adalah  $\lambda_7 (S_{21})_1$ .  $(d_{21})_1 (I_{21})_1 \approx (S_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_1 (I_{21})_1$  adalah  $\lambda_8 (S_{21})_1$ , dan  $(d_{21})_1 (R_{21})_1 \approx (S_{21})_1$  atau dapat



dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_1(R_{21})_1$  adalah  $\lambda_9(S_{21})_1$ .

Oleh karena itu model pada persamaan subpopulasi *suscpetible* dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan satu sebagai berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_1}{dt} = & (d_{21})_1(N_{21})_1 - (d_{21})_1(S_{21})_1 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{12})_1 \\ & - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_1}{(N_{21})_1} (I_{21})_1 + (b_{21})_{21}(S_{21})_2 - (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \end{aligned}$$

menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_1}{dt} = & \lambda_7(S_{21})_1 + \lambda_8(S_{21})_1 + \lambda_9(S_{21})_1 - (1 - (p_{21})_1)(S_{21})_1 \\ & - (1 - (q_{21})_1)(S_{21})_1 - (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \\ & + (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \end{aligned} \quad (4.48)$$

d. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_2}{dt} = & (d_{21})_2(N_{21})_2 - (d_{21})_2(S_{21})_2 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 \\ & - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1 - (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  maka interaksi yang terjadi di lintasan satu antara individual *susceptible* dan individual *infected* akan menyebabkan perubahan status dari *susceptible* menjadi *exposed* atau tetap menjadi *susceptible*.

Hal ini bergantung dengan kekebalan tubuh dari *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \delta_1$  dimana  $t_1 < \delta_1 < t_2$ . Interaksi individual  $((s_{21})_2, (i_{21})_2)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(p_{21})_2$  dan  $((s_{21})_2, (i_{12})_2)$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(q_{21})_2$ . Dimana  $0 < (p_{21})_2 < 1$  dan  $0 < (q_{21})_2 < 1$  dengan  $t_1$  adalah batas akhir *susceptible* dan  $t_2$  adalah batas awal *exposed*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_2$  maka individu  $((s_{21})_2, (i_{21})_2) \approx (e_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2$  adalah  $(p_{21})_2(E_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{21})_2)(s_{21})_2$  dan individu  $((s_{21})_2, (i_{12})_2) \approx (e_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari



populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2$  adalah  $(q_{21})_2 (E_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{21})_2)(s_{21})_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_1$  maka individu  $((s_{21})_2, (i_{21})_2) \approx (s_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2$  adalah  $(p_{21})_2 (s_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (p_{21})_2)(E_{21})_2$  dan individu  $((s_{21})_2, (i_{12})_2) \approx (s_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh transmisi virus dari populasi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2$  adalah  $(q_{21})_2 (s_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (q_{21})_2)(E_{21})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_1, t_2] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2$  sebesar  $(p_{21})_2 (E_{21})_2$  dan  $(1 - (p_{21})_2)(s_{21})_2$  dimana  $0 < (p_{21})_2 < 1$  sebagai proporsi dan  $\beta_2 \mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2$  sebesar  $(q_{21})_2 (E_{21})_2$  dan  $(1 - (q_{21})_2)(s_{21})_2$  dimana  $0 < (q_{21})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(s_{21})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_1$  dan terdapat individu  $(s_{21})_2$  yang kontinu sebagai individu *susceptible*.

Selain itu kelahiran setiap subpopulasi memiliki kekebalan alami pada interval waktu  $t \in [t_0, t_1]$  menyebabkan setiap subpopulasi yang lahir masuk ke dalam subpopulasi *susceptible*. Ambil sebarang  $t = \sigma_1$  dimana  $t_0 < \sigma_1 < t_1$  kelahiran pada setiap subpopulasi memiliki proposional sebesar  $\lambda_i$  yang menyebabkan setiap kelahiran mempunyai peluang sehat karena setiap kelahiran mempunyai kekebalan alami, Dimana  $0 < \lambda_i < 1$ .

Sehingga  $(d_{21})_2 (E_{21})_2 \approx (S_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_2 (E_{21})_2$  adalah  $\lambda_{10} (S_{21})_2$ .  $(d_{21})_2 (I_{21})_2 \approx (S_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_1 (I_{21})_1$  adalah  $\lambda_{11} (S_{21})_2$ , dan  $(d_{21})_2 (R_{21})_2 \approx (S_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan alami dari populasi  $(d_{21})_2 (R_{21})_2$  adalah  $\lambda_{12} (S_{21})_2$ .



Oleh karena itu model pada persamaan subpopulasi *suscpetible* dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan dua sebagai berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_2}{dt} &= (d_{21})_2(N_{21})_2 - (d_{21})_2(S_{21})_2 - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{12})_2 \\ &\quad - \beta_2\mu_2 \frac{(S_{21})_2}{(N_{21})_2} (I_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1 - (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \end{aligned}$$

menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(S_{21})_2}{dt} &= \lambda_{10}(S_{21})_2 + \lambda_{11}(S_{21})_2 + \lambda_{12}(S_{21})_2 - (1 - (p_{21})_2)(S_{21})_2 \\ &\quad - (1 - (q_{21})_2)(S_{21})_2 + (b_{21})_{12}(S_{21})_1 \\ &\quad - (b_{21})_{21}(S_{21})_2 \end{aligned} \quad (4.49)$$

e. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{12})_1}{dt} &= (p_{12})_1(E_{12})_1 + (q_{12})_1(E_{12})_1 - (d_{12})_1(E_{12})_1 - (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\ &\quad + (b_{12})_{21}(E_{12})_2 - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \end{aligned}$$

Pada interval waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_{12})_1$ , yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(r_{12})_1$ . Dimana  $0 < (r_{12})_1 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_{12})_1 \approx (i_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $(\gamma_{12})_1(E_{12})_1$  adalah  $(r_{12})_1(I_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{12})_1)(E_{12})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_{12})_1 \approx (e_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $(\gamma_{12})_1(E_{12})_1$  adalah  $(r_{12})_1(E_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{12})_1)(I_{12})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\gamma_{12})_1(E_{12})_1$  sebesar  $(r_{12})_1(I_{12})_1$  dan  $(1 - (r_{12})_1)(E_{12})_1$  dimana  $0 < (r_{12})_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(e_{12})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $(e_{12})_1$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.



Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{12})_1}{dt} &= (p_{12})_1(E_{12})_1 + (q_{12})_1(E_{12})_1 - (d_{12})_1(E_{12})_1 - (\gamma_{12})_1(E_{12})_1 \\ &\quad + (b_{12})_{21}(E_{12})_2 - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \end{aligned}$$

menjadi

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{12})_1}{dt} &= (p_{12})_1(E_{12})_1 + (q_{12})_1(E_{12})_1 - (d_{12})_1(E_{12})_1 \\ &\quad - (1 - (r_{12})_1)(E_{12})_1 + (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\ &\quad - (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \end{aligned} \quad (4.50)$$

f. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{12})_2}{dt} &= (p_{12})_2(E_{12})_2 + (q_{12})_2(E_{12})_2 - (d_{12})_2(E_{12})_2 - (\gamma_{12})_2(E_{12})_2 \\ &\quad + (b_{12})_{12}(E_{12})_1 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_{12})_2$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(r_{12})_2$ . Dimana  $0 < (r_{12})_2 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_{12})_2 \approx (i_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $(\gamma_{12})_2(E_{12})_2$  adalah  $(r_{12})_2(I_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{12})_2)(E_{12})_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_{12})_2 \approx (e_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $(\gamma_{12})_2(E_{12})_2$  adalah  $(r_{12})_2(E_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{12})_2)(I_{12})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\gamma_{12})_2(E_{12})_2$  sebesar  $(r_{12})_2(I_{12})_2$  dan  $(1 - (r_{12})_2)(E_{12})_2$  dimana  $0 < (r_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(e_{12})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $(e_{12})_1$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{d(E_{12})_2}{dt} = (p_{12})_2(E_{12})_2 + (q_{12})_2(E_{12})_2 - (d_{12})_2(E_{12})_2 - (\gamma_{12})_2(E_{12})_2$$



menjadi

$$\begin{aligned} & + (b_{12})_{12}(E_{12})_1 - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \\ \frac{d(E_{12})_2}{dt} = & (p_{12})_2(E_{12})_2 + (q_{12})_2(E_{12})_2 - (d_{12})_2(E_{12})_2 \\ & - (1 - (r_{12})_2)(E_{12})_2 + (b_{12})_{12}(E_{12})_1 \\ & - (b_{12})_{21}(E_{12})_2 \end{aligned} \quad (4.51)$$

g. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_1}{dt} = & (p_{21})_1(E_{21})_1 + (q_{21})_1(E_{21})_1 - (d_{21})_1(E_{21})_1 - (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\ & + (b_{21})_{21}(E_{21})_2 - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \end{aligned}$$

Pada interval waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_{21})_1$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(r_{21})_1$ . Dimana  $0 < (r_{21})_1 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_{21})_1 \approx (i_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $(\gamma_{21})_1(E_{21})_1$  adalah  $(r_{21})_1(I_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{21})_1)(E_{21})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_{21})_1 \approx (e_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $(\gamma_{21})_1(E_{21})_1$  adalah  $(r_{21})_1(E_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{21})_1)(I_{21})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\gamma_{21})_1(E_{21})_1$  sebesar  $(r_{21})_1(I_{21})_1$  dan  $(1 - (r_{21})_1)(E_{21})_1$  dimana  $0 < (r_{21})_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(e_{21})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $(e_{21})_1$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_1}{dt} = & (p_{21})_1(E_{21})_1 + (q_{21})_1(E_{21})_1 - (d_{21})_1(E_{21})_1 - (\gamma_{21})_1(E_{21})_1 \\ & + (b_{21})_{21}(E_{21})_2 - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \end{aligned}$$

menjadi



$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_1}{dt} = & (p_{21})_1(E_{21})_1 + (q_{21})_1(E_{21})_1 - (d_{21})_1(E_{21})_1 \\ & - (1 - (r_{21})_1)(E_{21})_1 + (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\ & - (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \end{aligned} \quad (4.52)$$

h. Perhatikan model persamaan

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_2}{dt} = & (p_{21})_2(E_{21})_2 + (q_{21})_2(E_{21})_2 - (d_{21})_2(E_{21})_2 - (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 \\ & + (b_{21})_{12}(E_{21})_1 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \end{aligned}$$

Pada waktu  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  individu *exposed* dapat mengalami perubahan status menjadi individu *infected*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *exposed* menjadi lemah. Ambil sebarang  $t = \delta_2$  dimana  $t_3 < \delta_2 < t_4$  kekebalan tubuh individual  $(e_{21})_2$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(r_{21})_2$ . Dimana  $0 < (r_{21})_2 < 1$  dengan  $t_3$  adalah batas akhir *exposed* dan  $t_4$  adalah batas awal *infected*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_4$  maka individu  $(e_{21})_2 \approx (i_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dari populasi  $(\gamma_{21})_2(E_{21})_2$  adalah  $(r_{21})_2(I_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{21})_2)(E_{21})_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_3$  maka individu  $(e_{21})_2 \approx (e_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh lebih kuat dan dapat melawan virus dari populasi  $(\gamma_{21})_2(E_{21})_2$  adalah  $(r_{21})_2(E_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (r_{21})_2)(I_{21})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_3, t_4] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\gamma_{21})_2(E_{21})_2$  sebesar  $(r_{21})_2(I_{21})_2$  dan  $(1 - (r_{21})_2)(E_{21})_2$  dimana  $0 < (r_{21})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(e_{21})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_2$  dan terdapat individu  $(e_{21})_2$  yang kontinu sebagai individu *exposed*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_2}{dt} = & (p_{21})_2(E_{21})_2 + (q_{21})_2(E_{21})_2 - (d_{21})_2(E_{21})_2 - (\gamma_{21})_2(E_{21})_2 \\ & + (b_{21})_{12}(E_{21})_1 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \end{aligned}$$

menjadi



$$\begin{aligned} \frac{d(E_{21})_2}{dt} = & (p_{21})_2(E_{21})_2 + (q_{21})_2(E_{21})_2 - (d_{21})_2(E_{21})_2 \\ & - (1 - (r_{21})_2)(E_{21})_2 - (b_{21})_{21}(E_{21})_2 \\ & + (b_{21})_{12}(E_{21})_1 \end{aligned} \quad (4.53)$$

i. Perhatikan model persamaan

$$\frac{d(I_{12})_1}{dt} = (r_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(I_{12})_1 - (\varphi_{12})_1(I_{12})_1$$

Individu *infected* pada waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan tubuh individual  $(i_{12})_1$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(u_{12})_1$ . Dimana  $0 < (u_{12})_1 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_{12})_1 \approx (r_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $(\varphi_{12})_1(I_{12})_1$  adalah  $(u_{12})_1(R_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{12})_1)(I_{12})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_{12})_1 \approx (i_{12})_1$  atau dapat dikatakan bahwa perubahan proporsi yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dipopulasi  $(\varphi_{12})_1(I_{12})_1$  adalah  $(u_{12})_1(I_{12})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{12})_1)(R_{12})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\varphi_{12})_1(I_{12})_1$  sebesar  $(u_{12})_1(R_{12})_1$  dan  $(1 - (u_{12})_1)(I_{12})_1$  dimana  $0 < (u_{12})_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(i_{12})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $(i_{12})_1$  yang kontinu sebagai individu *infected*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{d(I_{12})_1}{dt} = (r_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(I_{12})_1 - (\varphi_{12})_1(I_{12})_1$$

menjadi

$$\frac{d(I_{12})_1}{dt} = (r_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(I_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)(I_{12})_1 \quad (4.54)$$

dan model persamaan berikut



$$\frac{d(R_{12})_1}{dt} = (\varphi_{12})_1(I_{12})_1 - (d_{12})_1(R_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2 - (b_{12})_{12}(R_{12})_1$$

menjadi

$$\frac{d(R_{12})_1}{dt} = (u_{12})_1(R_{12})_1 - (d_{12})_1(R_{12})_1 + (b_{12})_{21}(R_{12})_2 - (b_{12})_{12}(R_{12})_1 \quad (4.55)$$

j. Perhatikan model persamaan

$$\frac{d(I_{12})_2}{dt} = (r_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(I_{12})_2 - (\varphi_{12})_2(I_{12})_2$$

Individu *infected* pada waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan tubuh individual  $(i_{12})_2$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(u_{12})_2$  Dimana  $0 < (u_{12})_2 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_{12})_2 \approx (r_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $(\varphi_{12})_2(I_{12})_2$  adalah  $(u_{12})_2(R_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{12})_2)(I_{12})_2$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_{12})_2 \approx (i_{12})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dipopulasi  $(\varphi_{12})_2(I_{12})_2$  adalah  $(u_{12})_2(I_{12})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{12})_2)(R_{12})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\varphi_{12})_2(I_{12})_2$  sebesar  $(u_{12})_2(R_{12})_2$  dan  $(1 - (u_{12})_2)(I_{12})_2$  dimana  $0 < (u_{12})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(i_{12})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $(i_{12})_2$  yang kontinu sebagai individu *infected*

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{d(I_{12})_2}{dt} = (r_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(I_{12})_2 - (\varphi_{12})_2(I_{12})_2$$

menjadi

$$\frac{d(I_{12})_2}{dt} = (r_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(I_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)(I_{12})_2 \quad (4.56)$$



dan model persamaan berikut

$$\begin{aligned} \frac{d(R_{12})_2}{dt} &= (\varphi_{12})_2(I_{12})_2 - (d_{12})_2(R_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1 - (b_{12})_{21}(R_{12})_2 \\ \text{menjadi} \\ \frac{d(R_{12})_2}{dt} &= (u_{12})_2(R_{12})_2 - (d_{12})_2(R_{12})_2 + (b_{12})_{12}(R_{12})_1 \\ &\quad - (b_{12})_{21}(R_{12})_2 \end{aligned} \quad (4.57)$$

k. Perhatikan model persamaan

$$\frac{d(I_{21})_1}{dt} = (r_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(I_{21})_1 - (\varphi_{21})_1(I_{21})_1$$

Individu *infected* pada waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan tubuh individual  $(i_{21})_1$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(u_{21})_1$  Dimana  $0 < (u_{21})_1 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_{21})_1 \approx (r_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $(\varphi_{21})_1(I_{21})_1$  adalah  $(u_{21})_1(R_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{21})_1)(I_{21})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_{21})_1 \approx (i_{21})_1$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dipopulasi  $(\varphi_{21})_1(I_{21})_1$  adalah  $(u_{21})_1(I_{21})_1$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{21})_1)(R_{21})_1$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\varphi_{21})_1(I_{21})_1$  sebesar  $(u_{21})_1(R_{21})_1$  dan  $(1 - (u_{21})_1)(I_{21})_1$  dimana  $0 < (u_{21})_1 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(i_{21})_1$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $(i_{21})_1$  yang kontinu sebagai individu *infected*.

Oleh karena itu model persamaan berikut

$$\frac{d(I_{21})_1}{dt} = (r_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(I_{21})_1 - (\varphi_{21})_1(I_{21})_1$$



menjadi

$$\frac{d(I_{21})_1}{dt} = (r_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(I_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)(I_{21})_1 \quad (4.58)$$

dan model persamaan berikut

$$\frac{d(R_{21})_1}{dt} = (\varphi_{21})_1(I_{21})_1 - (d_{21})_1(R_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2 - (b_{21})_{12}(R_{21})_1$$

menjadi

$$\frac{d(R_{21})_1}{dt} = (u_{21})_1(R_{21})_1 - (d_{21})_1(R_{21})_1 + (b_{21})_{21}(R_{21})_2 - (b_{21})_{12}(R_{21})_1 \quad (4.59)$$

1. Perhatikan model persamaan

$$\frac{d(I_{21})_2}{dt} = (r_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(I_{21})_2 - (\varphi_{21})_2(I_{21})_2$$

Individu *infected* pada waktu  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  dapat mengalami perubahan status menjadi *recovery*. Hal ini karena kekebalan tubuh dari *infected* meningkat. Ambil sebarang  $t = \delta_3$  dimana  $t_5 < \delta_3 < t_6$  kekebalan tubuh individual  $(i_{21})_2$  yang menyebabkan terjadinya perubahan secara proposional sebesar  $(u_{21})_2$  Dimana  $0 < (u_{21})_2 < 1$  dengan  $t_5$  adalah batas akhir *infected* dan  $t_6$  adalah batas awal *recovery*.

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_6$  maka individu  $(i_{21})_2 \approx (r_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh meningkat karena virus melemah di populasi  $(\varphi_{21})_2(I_{21})_2$  adalah  $(u_{21})_2(R_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{21})_1)(I_{21})_1$ .

Jika  $\varepsilon \rightarrow t_5$  maka individu  $(i_{21})_2 \approx (i_{21})_2$  atau dapat dikatakan bahwa proporsi perubahan status yang disebabkan oleh kekebalan tubuh melemah karena virus dipopulasi  $(\varphi_{21})_2(I_{21})_2$  adalah  $(u_{21})_2(I_{21})_2$  ekuivalen dengan  $(1 - (u_{21})_2)(R_{21})_2$ .

Dengan demikian untuk setiap  $t \in [t_5, t_6] \subset [0, \infty)$  terdapat transisi  $(\varphi_{21})_2(I_{21})_2$  sebesar  $(u_{21})_2(R_{21})_2$  dan  $(1 - (u_{21})_2)(I_{21})_2$  dimana  $0 < (u_{21})_2 < 1$  sebagai proporsi artinya bahwa pada interval waktu tersebut terdapat individual  $(i_{21})_2$  yang diskontinu di  $t = \delta_3$  dan terdapat individu  $(i_{21})_2$  yang kontinu sebagai individu *infected*.

Oleh karena itu model persamaan berikut



menjadi

$$\frac{d(I_{21})_2}{dt} = (r_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(I_{21})_2 - (\varphi_{21})_2(I_{21})_2$$

$$\frac{d(I_{21})_2}{dt} = (r_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(I_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)(I_{21})_2 \quad (4.60)$$

dan persamaan berikut

$$\frac{d(R_{21})_2}{dt} = (\varphi_{21})_2(I_{21})_2 - (d_{21})_2(R_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1 - (b_{21})_{21}(R_{21})_2$$

menjadi

$$\frac{d(R_{21})_2}{dt} = (u_{21})_2(R_{21})_2 - (d_{21})_2(R_{21})_2 + (b_{21})_{12}(R_{21})_1 - (b_{21})_{21}(R_{21})_2 \quad (4.61)$$

Selanjutnya setelah didapatkan Persamaan model (4.46) sampai (4.61) yang telah direduksi berdasarkan evolusi virus yang terjadi di tubuh individual akan dilakukan pembuktian bahwa model memiliki penyelesaian dan tunggal dengan mencari konstanta *Lipschitz* berdasarkan teorema berikut

Terdapat konstanta *Lipschitz*  $k(t)$  yang memenuhi

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t)\|X^1 - X^2\|$$

sedemikian hingga model sistem berlaku untuk setiap  $t \in R$ .

Bukti :

Misalkan sistem berbentuk  $\frac{dX(t)}{dt} = f(X(t), t), X(0) = X_0$ , dengan  $t \in \mathbb{R}^+$ . dengan

$$X = \{(S_{12})_1, (S_{12})_2, (S_{21})_1, (S_{21})_2, (E_{12})_1, (E_{12})_2, (E_{21})_1, (E_{21})_2, \\ (I_{12})_1, (I_{12})_2, (I_{21})_1, (I_{21})_2, (R_{12})_1, (R_{12})_2, (R_{21})_1, (R_{21})_2\}$$

maka persamaan (4.46) sampai (4.61) dapat dinyatakan dalam bentuk

$$\frac{dX}{dt} = f(X(t), t)$$

atau dapat ditulis

$$\frac{d(S_{12})_1}{dt} = f((S_{12})_1(t), t);$$

$$\frac{d(S_{12})_2}{dt} = f((S_{12})_2(t), t);$$

$$\frac{d(S_{21})_1}{dt} = f((S_{21})_1(t), t);$$

$$\frac{d(S_{21})_2}{dt} = f((S_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(E_{12})_1}{dt} = f((E_{12})_1(t), t);$$

$$\frac{d(E_{12})_2}{dt} = f((S_{12})_2(t), t);$$



$$\frac{d(E_{21})_1}{dt} = f((E_{21})_1(t), t);$$

$$\frac{d(E_{21})_2}{dt} = f((S_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(I_{12})_1}{dt} = f((I_{12})_1(t), t);$$

$$\frac{d(I_{12})_2}{dt} = f((I_{12})_2(t), t);$$

$$\frac{d(I_{21})_1}{dt} = f((I_{21})_1(t), t);$$

$$\frac{d(I_{21})_2}{dt} = f((I_{21})_2(t), t);$$

$$\frac{d(R_{12})_1}{dt} = f((R_{12})_1(t), t);$$

$$\frac{d(R_{12})_2}{dt} = f((R_{12})_2(t), t);$$

$$\frac{d(R_{21})_1}{dt} = f((R_{21})_1(t), t);$$

$$\frac{d(R_{21})_2}{dt} = f((R_{21})_2(t), t).$$

Selanjutnya dikelompokkan berdasarkan keadaan individu dilintasan menjadi empat total subpopulasi yaitu subpopulasi *susceptible*, *exposed*, *infected*, *recovery* di lintasan sebagai berikut.

a. Total subpopulasi *susceptible* di lintasan merupakan jumlahan dari subpopulasi *susceptible* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu, subpopulasi *susceptible* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua, subpopulasi *susceptible* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu, dan subpopulasi *susceptible* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua. Oleh karena itu dapat ditulis sebagai berikut

$f(S(t), t) = f((S_{12})_1(t), t) + f((S_{12})_2(t), t) + f((S_{21})_1(t), t) + f((S_{21})_2(t), t)$   
maka

$$\begin{aligned} f(S(t), t) = & (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((S_{12})_1) + \\ & (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((S_{12})_2) + \\ & (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((S_{21})_1) + \\ & (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((S_{21})_2) \end{aligned}$$

b. Total subpopulasi *exposed* di lintasan merupakan jumlahan dari subpopulasi *exposed* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu, subpopulasi *exposed* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua, subpopulasi *exposed* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu, dan subpopulasi *exposed* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua. Oleh karena itu dapat ditulis sebagai berikut

$f(E(t), t) = f((E_{12})_1(t), t) + f((E_{12})_2(t), t) + f((E_{21})_1(t), t) + f((E_{21})_2(t), t)$   
maka



$$f(E(t), t) = ((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1) + ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2) + ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1) + ((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2)$$

c. Total subpopulasi *infected* dilintasan merupakan jumlahan dari subpopulasi *infected* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu, subpopulasi *infected* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua, subpopulasi *infected* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu, dan subpopulasi *infected* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua. Oleh karena itu dapat ditulis sebagai berikut

$$f(I(t), t) = f((I_{12})_1(t), t) + f((I_{12})_2(t), t) + f((I_{21})_1(t), t) + f((I_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(I(t), t) = ((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1) + ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2) + ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1) + ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2)$$

d. Total Subpopulasi *recovery* dilintasan merupakan jumlahan dari subpopulasi *recovery* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan satu, subpopulasi *recovery* dari wilayah satu ke dua melalui lintasan dua, subpopulasi *recovery* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan satu, dan subpopulasi *recovery* dari wilayah dua ke satu melalui lintasan dua. Oleh karena itu dapat ditulis sebagai berikut

$$f(R(t), t) = f((R_{12})_1(t), t) + f((R_{12})_2(t), t) + f((R_{21})_1(t), t) + f((R_{21})_2(t), t)$$

maka

$$f(R(t), t) = ((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1) + ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2) + ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1) + ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2)$$

Misalkan terdapat elemen-elemen pada himpunan  $X$  kontinu sebagian demi sebagian.

$$(S_{12})_1 = ((S_{12})_1^1, (S_{12})_1^2); (S_{12})_2 = ((S_{12})_2^1, (S_{12})_2^2); (S_{21})_1 = ((S_{21})_1^1, (S_{21})_1^2); (S_{21})_2 = ((S_{21})_2^1, (S_{21})_2^2); (E_{12})_1 = ((E_{12})_1^1, (E_{12})_1^2); (E_{12})_2 = ((E_{12})_2^1, (E_{12})_2^2);$$



$$(E_{21})_1 = ((E_{21})_1^1, (E_{21})_1^2); (E_{21})_2 = ((E_{21})_2^1, (E_{21})_2^2); (I_{12})_1 = ((I_{12})_1^1, (I_{12})_1^2), \\ (I_{12})_2 = ((I_{12})_2^1, (I_{12})_2^2); (I_{21})_1 = ((I_{21})_1^1, (I_{21})_1^2); (I_{21})_2 = ((I_{21})_2^1, (I_{21})_2^2);$$

$$(R_{12})_1 = ((R_{12})_1^1, (R_{12})_1^2); (R_{12})_2 = ((R_{12})_2^1, (R_{12})_2^2);$$

$$(R_{21})_1 = ((R_{21})_1^1, (R_{21})_1^2); (R_{21})_2 = ((R_{21})_2^1, (R_{21})_2^2);$$

maka akan terdapat  $f(X^1(t), t)$  dan  $f(X^2(t), t)$  dengan

$$X^1 = \{ (S_{12})_1^1, (S_{12})_2^1, (S_{21})_1^1, (S_{21})_2^1, (E_{12})_1^1, (E_{12})_2^1, (E_{21})_1^1, (E_{21})_2^1, \\ (I_{12})_1^1, (I_{12})_2^1, (I_{21})_1^1, (I_{21})_2^1, (R_{12})_1^1, (R_{12})_2^1, (R_{21})_1^1, (R_{21})_2^1 \}$$

$$X^2 = \{ (S_{12})_1^2, (S_{12})_2^2, (S_{21})_1^2, (S_{21})_2^2, (E_{12})_1^2, (E_{12})_2^2, (E_{21})_1^2, (E_{21})_2^2, \\ (I_{12})_1^2, (I_{12})_2^2, (I_{21})_1^2, (I_{21})_2^2, (R_{12})_1^2, (R_{12})_2^2, (R_{21})_1^2, (R_{21})_2^2 \}$$

Selanjutnya akan dicari nilai dari  $k(t)$  yang merupakan konstanta *Lipschitz* yang memenuhi bentuk berikut

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k(t)\|X^1 - X^2\|$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{bmatrix} \text{ dinyatakan sebagai}$$

$a_{i1} = b_{i1} + c_{i1} + d_{i1} + e_{i1}$ , dengan  $i = 1, 2, 3, 4$ , maka

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1} + d_{i1} + e_{i1}\|$$

atau

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\|$$

dengan  $\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$

Berikut ketentuan  $a_{i1} \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\|$  (4.62)

Selanjutnya Persamaan (4.46) sampai (4.61) dapat dibentuk sebagai berikut

**Susceptible**

$$a_{11} = f(S^1(t), t) - f(S^2(t), t)$$

$$a_{11} = \{ (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)) (s_{12})_1^1 + \\ (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)) (s_{12})_2^1 + \\ (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)) (s_{21})_1^1 + \\ (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)) (s_{21})_2^1 \} - \\ \{ (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)) (s_{12})_1^2 +$$



$$\begin{aligned}
& (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))(s_{12})_2^2 + \\
& (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))(s_{21})_1^2 + \\
& (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))(s_{21})_2^2 \} \\
= & (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((s_{12})_1^1 - (s_{12})_1^2) + \\
& (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) + \\
& (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((s_{21})_1^1 - (s_{21})_1^2) + \\
& (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((s_{21})_2^1 - (s_{21})_2^2)
\end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.62) maka didapatkan

$$\begin{aligned}
\|a_{11}\| \leq & \|(\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((s_{12})_1^1 - (s_{12})_1^2)\| + \\
& \|(\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2)\| + \\
& \|(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((s_{21})_1^1 - (s_{21})_1^2)\| + \\
& \|(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((s_{21})_2^1 - (s_{21})_2^2)\|
\end{aligned}
\tag{4.63}$$

**Exposed**

$$a_{21} = f(E^1(t), t) - f(E^2(t), t)$$

$$\begin{aligned}
a_{21} = & \{((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))(E_{12})_1^1 + \\
& ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))(E_{12})_2^1 + \\
& ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))(E_{21})_1^1 + \\
& ((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))(E_{21})_2^1\} - \\
& \{((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))(E_{12})_1^2 + \\
& ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))(E_{12})_2^2 + \\
& ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))(E_{21})_1^2 + \\
& ((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))(E_{21})_2^2\} \\
= & ((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) + \\
& ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) + \\
& ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) + \\
& ((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2)
\end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.62) maka didapatkan

$$\|a_{21}\| \leq \|((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2)\| +$$

$$\begin{aligned} & \|((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2)\| + \\ & \|((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2)\| + \\ & \|((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2)\| \end{aligned} \quad (4.64)$$

#### **Infected**

$$\begin{aligned} a_{31} &= f(I^1(t), t) - f(I^2(t), t) \\ a_{31} &= \{((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))(I_{12})_1^1 + \\ & ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))(I_{12})_2^1 + \\ & ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))(I_{21})_1^1 + \\ & ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))(I_{21})_2^1\} - \\ & \{((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))(I_{12})_1^2 + \\ & ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))(I_{12})_2^2 + \\ & ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))(I_{21})_1^2 + \\ & ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))(I_{21})_2^2\} \\ &= ((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) + \\ & ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) + \\ & ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) + \\ & ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.62) maka didapatkan

$$\begin{aligned} \|a_{31}\| &\leq \|((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2)\| + \\ & \|((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2)\| + \\ & \|((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2)\| + \\ & \|((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2)\| \end{aligned} \quad (4.65)$$

#### **Recovery**

$$\begin{aligned} a_{41} &= f(R^1(t), t) - f(R^2(t), t) \\ a_{41} &= \{((u_{12})_1 - (d_{12})_1)(R_{12})_1^1 + ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)(R_{12})_2^1 + \\ & ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)(R_{21})_1^1 + ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)(R_{21})_2^1\} - \\ & \{((u_{12})_1 - (d_{12})_1)(R_{12})_1^2 + ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)(R_{12})_2^2 + \\ & ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)(R_{21})_1^2 + ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)(R_{21})_2^2\} \\ &= ((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) + \\ & ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) + \\ & ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) + \\ & ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \end{aligned}$$



$$\begin{aligned} & ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) + \\ & ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \end{aligned}$$

Menggunakan ketentuan (4.62) maka didapatkan

$$\begin{aligned} \|a_{41}\| \leq & \|((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2)\| + \\ & \|((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2)\| + \\ & \|((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2)\| + \\ & \|((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2)\| \end{aligned} \quad (4.66)$$

Selanjutnya Persamaan (4.63) – (4.66) dapat dibentuk norm sebagai berikut.

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| = \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} = \|b_{i1} + c_{i1} + d_{i1} + e_{i1}\|$$

$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\|$ , maka

$$\begin{aligned} \begin{Bmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{31} \\ a_{41} \end{Bmatrix} \leq & \left\| \begin{aligned} & (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1))((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ & ((p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1))((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ & ((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1))((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ & ((u_{12})_1 - (d_{12})_1)((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{aligned} \right\| + \\ & \left\| \begin{aligned} & (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2))((S_{12})_2^1 - (S_{12})_2^2) \\ & ((p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2))((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ & ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ & ((u_{12})_2 - (d_{12})_2)((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{aligned} \right\| + \\ & \left\| \begin{aligned} & (\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1))((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\ & ((p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1))((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\ & ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1))((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\ & ((u_{21})_1 - (d_{21})_1)((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \end{aligned} \right\| + \\ & \left\| \begin{aligned} & (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2))((S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2) \\ & ((p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2))((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2) \\ & ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2))((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2) \\ & ((u_{21})_2 - (d_{21})_2)((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \end{aligned} \right\| \end{aligned}$$

dengan

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq \|b_{i1}\| + \|c_{i1}\| + \|d_{i1}\| + \|e_{i1}\|$$

Sehingga

$$\|f(X^1(t), t) - f(X^2(t), t)\| \leq k_1(t)\|b_{i1}\| + k_2(t)\|c_{i1}\| + k_3(t)\|d_{i1}\| + k_4(t)\|e_{i1}\| \quad (4.67)$$

Dimana

1.  $k_1(t)$  merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan satu, dengan

$$\|b_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |b_{ij}|$$

$$|b_{11}| = |\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|(|(S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2|)$$

$$|b_{21}| = |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|(|(E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2|)$$

$$|b_{31}| = |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|(|(I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2|)$$

$$|b_{41}| = |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|(|(R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2|)$$

Maka

$$|b_{11}| \leq \max\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|, |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|, |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\} (|(S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2|)$$

$$|b_{21}| \leq \max\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|, |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|, |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\} (|(E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2|)$$

$$|b_{31}| \leq \max\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|, |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|, |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\} (|(I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2|)$$

$$|b_{41}| \leq \max\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|, |(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|, |(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\} (|(R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1) \\ (p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1) \\ (r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1) \\ (u_{12})_1 - (d_{12})_1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2 \\ (E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2 \\ (I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2 \\ (R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2 \end{pmatrix} \right\| \leq$$



$$maks\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|,$$

$$|(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|,$$

$$|(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\} \left\| \begin{pmatrix} ((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ ((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ ((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ ((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1) \\ (p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1) \\ (r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1) \\ (u_{12})_1 - (d_{12})_1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} ((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ ((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ ((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ ((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k_1(t)$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_1(t) = maks\{|\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1)|,$$

$$|(p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1)|, |(r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)|,$$

$$|(u_{12})_1 - (d_{12})_1|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ \left| (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3)_{maks} - ((1 - (p_{12})_1) + (1 - (q_{12})_1))_{min} \right|, \left| ((p_{12})_1 + (q_{12})_1)_{maks} - ((d_{12})_1 + (1 - (r_{12})_1))_{min} \right|, \left| ((r_{12})_1)_{maks} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{min} \right|, \left| ((u_{12})_1)_{maks} - ((d_{12})_1)_{min} \right| \right\}$$

atau

$$\left\{ \left| (\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3)_{min} - ((1 - (p_{12})_1) + (1 - (q_{12})_1))_{maks} \right|, \left| ((p_{12})_1 + (q_{12})_1)_{min} - ((d_{12})_1 + (1 - (r_{12})_1))_{maks} \right|, \left| ((r_{12})_1)_{min} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{maks} \right|, \left| ((u_{12})_1)_{min} - ((d_{12})_1)_{maks} \right| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k_1(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa Individu *infected* pada lintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua dapat menyebarkan virus dilintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*.

Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz*  $k_1(t) = \left| ((r_{12})_1)_{maks} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{min} \right|$  maka penyebaran virus di lintasan satu sangat luas. Jika  $((r_{12})_1)_{maks}$  dan  $((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{min}$  maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $(S_{12})_1, (E_{12})_1, (I_{12})_1, (R_{12})_1$  di lintasan satu.

2.  $k_2(t)$  merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah satu menuju wilayah dua melalui lintasan dua, dengan

$$\|c_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |c_{ij}|$$

$$|c_{11}| = |\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|(|(s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2|)$$

$$|c_{21}| = |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|(|(E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2|)$$

$$|c_{31}| = |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|(|(I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2|)$$

$$|c_{41}| = |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|(|(R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2|)$$

maka

$$|c_{11}| \leq maks\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|, |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|, |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}(|(s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2|)$$

$$|c_{21}| \leq maks\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|, |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|, |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}(|(E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2|)$$

$$|c_{31}| \leq maks\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|, |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|, |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}(|(I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2|)$$



$$|c_{41}| \leq \max\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|, |(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|, |(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}(|(R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2) \\ (p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2) \\ (r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2) \\ (u_{12})_2 - (d_{12})_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} ((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq$$

$$\max\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|,$$

$$|(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|,$$

$$|(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\} \left\| \begin{pmatrix} ((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2) \\ (p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2) \\ (r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2) \\ (u_{12})_2 - (d_{12})_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} ((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\| \leq k_2(t)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} ((s_{12})_2^1 - (s_{12})_2^2) \\ ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_2(t) = \max\{|\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2)|,$$

$$|(p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2)|, |(r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)|,$$

$$|(u_{12})_2 - (d_{12})_2|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ \left| (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6)_{maks} - ((1 - (p_{12})_2) + (1 - (q_{12})_2))_{min} \right|, \left| ((p_{12})_2 + (q_{12})_2)_{maks} - ((d_{12})_2 + (1 - (r_{12})_2))_{min} \right|, \left| ((r_{12})_2)_{maks} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{min} \right|, \left| ((u_{12})_2)_{maks} - ((d_{12})_2)_{min} \right| \right\}$$

atau

$$\left\{ \left| (\lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6)_{min} - ((1 - (p_{12})_2) + (1 - (q_{12})_2))_{maks} \right|, \left| ((p_{12})_2 + (q_{12})_2)_{min} - ((d_{12})_2 + (1 - (r_{12})_2))_{maks} \right|, \left| ((r_{12})_2)_{min} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{maks} \right|, \left| ((u_{12})_2)_{min} - ((d_{12})_2)_{maks} \right| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k_2(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan dua dari wilayah satu ke dua dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*.

Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz*  $k_2(t) = \left| ((r_{12})_2)_{maks} - ((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{min} \right|$  maka penyebaran virus di lintasan dua sangat luas. Jika  $((r_{12})_2)_{maks}$  dan  $((d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2))_{min}$  maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $(S_{12})_2, (E_{12})_2, (I_{12})_2, (R_{12})_2$  di lintasan dua.

3.  $k_3(t)$  merupakan konstanta *Lipschitz* subpopulasi dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan satu, dengan

$$\|d_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |d_{ij}|$$



$$|d_{11}| = |\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|(|(S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2|)$$

$$|d_{21}| = |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|(|(E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2|)$$

$$|d_{31}| = |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|(|(I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2|)$$

$$|d_{41}| = |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|(|(R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2|)$$

maka

$$|d_{11}| \leq \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}(|(S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2|)$$

$$|d_{21}| \leq \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}(|(E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2|)$$

$$|d_{31}| \leq \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}(|(I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2|)$$

$$|d_{41}| \leq \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}(|(R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1) \\ (p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1) \\ (r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1) \\ (u_{21})_1 - (d_{21})_1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2 \\ (E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2 \\ (I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2 \\ (R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2 \end{pmatrix} \right\| \leq$$

$$\max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|,$$

$$|(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|,$$

$$|(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\} \left\| \begin{pmatrix} (S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2 \\ (E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2 \\ (I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2 \\ (R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2 \end{pmatrix} \right\|$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1) \\ (p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1) \\ ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)) \\ ((u_{21})_1 - (d_{21})_1) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2 \\ (E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2 \\ (I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2 \\ (R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2 \end{pmatrix} \right\| \leq k_3(t)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} (S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2 \\ (E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2 \\ (I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2 \\ (R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2 \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$k_3(t) = \max\{|\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1)|, \\ |(p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1)|, |(r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)|, \\ |(u_{21})_1 - (d_{21})_1|\}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\left\{ |(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9)_{maks} - ((1 - (p_{21})_1) + (1 - (q_{21})_1))_{min}|, |((p_{21})_1 + (q_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (r_{21})_1))_{min}|, |((r_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min}|, |((u_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1)_{min}| \right\}$$

atau

$$\left\{ |(\lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9)_{min} - ((1 - (p_{21})_1) + (1 - (q_{21})_1))_{maks}|, |((p_{21})_1 + (q_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1 + (1 - (r_{21})_1))_{maks}|, |((r_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{maks}|, |((u_{21})_1)_{min} - ((d_{21})_1)_{maks}| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k_3(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan satu dari wilayah dua ke satu dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain



subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*.

Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta Lipschitz  $k_3(t) = \left| ((r_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min} \right|$  maka penyebaran virus di lintasan satu sangat luas. Jika  $((r_{21})_1)_{maks}$  dan  $((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min}$  maka yang terjadi *rate* individu *exposed* yang menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $(S_{21})_1, (E_{21})_1, (I_{21})_1, (R_{21})_1$  di lintasan satu.

4.  $k_4(t)$  merupakan konstanta Lipschitz subpopulasi dari wilayah dua menuju wilayah satu melalui lintasan dua, dengan

$$\|e_{i1}\| = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |e_{ij}|$$

$$|e_{11}| = |\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|(|(S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2|)$$

$$|e_{21}| = |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|(|(E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2|)$$

$$|e_{31}| = |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|(|(I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2|)$$

$$|e_{41}| = |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|(|(R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2|)$$

Maka

$$|e_{11}| \leq maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\}(|(S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2|)$$

$$|e_{21}| \leq maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\}(|(E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2|)$$

$$|e_{31}| \leq maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\}(|(I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2|)$$

$$|e_{41}| \leq maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\}(|(R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2|)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2) \\ (p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2) \\ ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)) \\ ((u_{21})_2 - (d_{21})_2) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2 \\ (E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2 \\ (I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2 \\ (R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2 \end{pmatrix} \right\| \leq$$

$$\begin{aligned} & maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, \\ & |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, \\ & |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\} \left\| \begin{pmatrix} (S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2 \\ (E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2 \\ (I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2 \\ (R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2 \end{pmatrix} \right\| \end{aligned}$$

atau

$$\left\| \begin{pmatrix} \lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2) \\ (p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2) \\ ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)) \\ ((u_{21})_2 - (d_{21})_2) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} (S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2 \\ (E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2 \\ (I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2 \\ (R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2 \end{pmatrix} \right\| \leq k_4(t)$$

$$\left\| \begin{pmatrix} (S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2 \\ (E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2 \\ (I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2 \\ (R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2 \end{pmatrix} \right\|$$

Untuk menentukan nilai maksimum mutlak dari

$$\begin{aligned} k_4(t) = & maks\{|\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2)|, \\ & |(p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2)|, |(r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)|, \\ & |(u_{21})_2 - (d_{21})_2|\} \end{aligned}$$

yang memiliki dua kemungkinan yaitu

$$\begin{aligned} & \{ |(\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12})_{maks} \\ & - ((1 - (p_{21})_2) + (1 - (q_{21})_2))_{min}|, |((p_{21})_2 + (q_{21})_2)_{maks} \\ & - ((d_{21})_2 + (1 - (r_{21})_2))_{min}|, |((r_{21})_2)_{maks} \\ & - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}|, \\ & |((u_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2)_{min}| \} \end{aligned}$$



atau

$$\left\{ \left| (\lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12})_{maks} - ((1 - (p_{21})_2) + (1 - (q_{21})_2))_{min} \right|, \left| ((p_{21})_2 + (q_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (r_{21})_2))_{min} \right|, \left| ((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min} \right|, \left| ((u_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2)_{min} \right| \right\}$$

Pada kasus ini pengambilan konstanta *Lipschitz*  $k_4(t)$  dilakukan berdasarkan asumsi bahwa individu *infected* di lintasan dua dari wilayah dua menuju wilayah satu dapat menyebarkan virus pada populasi di lintasan. Dengan kata lain subpopulasi *infected* sangat mempengaruhi sistem, sehingga pengamatan hanya dilakukan pada subpopulasi *infected*.

Berdasarkan asumsi tersebut jika diambil konstanta *Lipschitz*  $k_4(t) = \left| ((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min} \right|$  maka penyebaran virus di lintasan dua sangat luas. Jika  $((r_{21})_2)_{maks}$  dan  $((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min}$  maka yang terjadi *rate* transisi individu *exposed* menjadi individu *infected* lebih besar daripada *rate* kematian individu *infected* dan *rate* individu *infected* yang sembuh sehingga memberikan pengaruh sangat besar pada perubahan subpopulasi  $(S_{21})_2, (E_{21})_2, (I_{21})_2, (R_{21})_2$  di lintasan dua.

$$\begin{aligned}
& \left\| \begin{aligned} & \left( \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 - (1 - (p_{12})_1) - (1 - (q_{12})_1) \right) ((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ & \left( (p_{12})_1 + (q_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (r_{12})_1) \right) ((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ & ((r_{12})_1 - (d_{12})_1 - (1 - (u_{12})_1)) ((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ & ((u_{12})_1 - (d_{12})_1) ((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{aligned} \right. \\
& + \left( \lambda_4 + \lambda_5 + \lambda_6 - (1 - (p_{12})_2) - (1 - (q_{12})_2) \right) ((S_{12})_2^1 - (S_{12})_2^2) \\
& + \left( (p_{12})_2 + (q_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (r_{12})_2) \right) ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\
& ((r_{12})_2 - (d_{12})_2 - (1 - (u_{12})_2)) ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\
& ((u_{12})_2 - (d_{12})_2) ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \\
& \left( \lambda_7 + \lambda_8 + \lambda_9 - (1 - (p_{21})_1) - (1 - (q_{21})_1) \right) ((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\
& + \left( (p_{21})_1 + (q_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (r_{21})_1) \right) ((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\
& ((r_{21})_1 - (d_{21})_1 - (1 - (u_{21})_1)) ((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\
& ((u_{21})_1 - (d_{21})_1) ((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \\
& \left( \lambda_{10} + \lambda_{11} + \lambda_{12} - (1 - (p_{21})_2) - (1 - (q_{21})_2) \right) ((S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2) \\
& + \left( (p_{21})_2 + (q_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (r_{21})_2) \right) ((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2) \\
& ((r_{21})_2 - (d_{21})_2 - (1 - (u_{21})_2)) ((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2) \\
& ((u_{21})_2 - (d_{21})_2) ((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \left\| \leq \right. \\
& k_1(t) \left\| \begin{aligned} & ((S_{12})_1^1 - (S_{12})_1^2) \\ & ((E_{12})_1^1 - (E_{12})_1^2) \\ & ((I_{12})_1^1 - (I_{12})_1^2) \\ & ((R_{12})_1^1 - (R_{12})_1^2) \end{aligned} \right\| + k_2(t) \left\| \begin{aligned} & ((S_{12})_2^1 - (S_{12})_2^2) \\ & ((E_{12})_2^1 - (E_{12})_2^2) \\ & ((I_{12})_2^1 - (I_{12})_2^2) \\ & ((R_{12})_2^1 - (R_{12})_2^2) \end{aligned} \right\| \\
& + k_3(t) \left\| \begin{aligned} & ((S_{21})_1^1 - (S_{21})_1^2) \\ & ((E_{21})_1^1 - (E_{21})_1^2) \\ & ((I_{21})_1^1 - (I_{21})_1^2) \\ & ((R_{21})_1^1 - (R_{21})_1^2) \end{aligned} \right\| + k_4(t) \left\| \begin{aligned} & ((S_{21})_2^1 - (S_{21})_2^2) \\ & ((E_{21})_2^1 - (E_{21})_2^2) \\ & ((I_{21})_2^1 - (I_{21})_2^2) \\ & ((R_{21})_2^1 - (R_{21})_2^2) \end{aligned} \right\|
\end{aligned}$$

Dengan

$$k_1(t) = \left| ((r_{12})_1)_{maks} - ((d_{12})_1 + (1 - (u_{12})_1))_{min} \right|$$

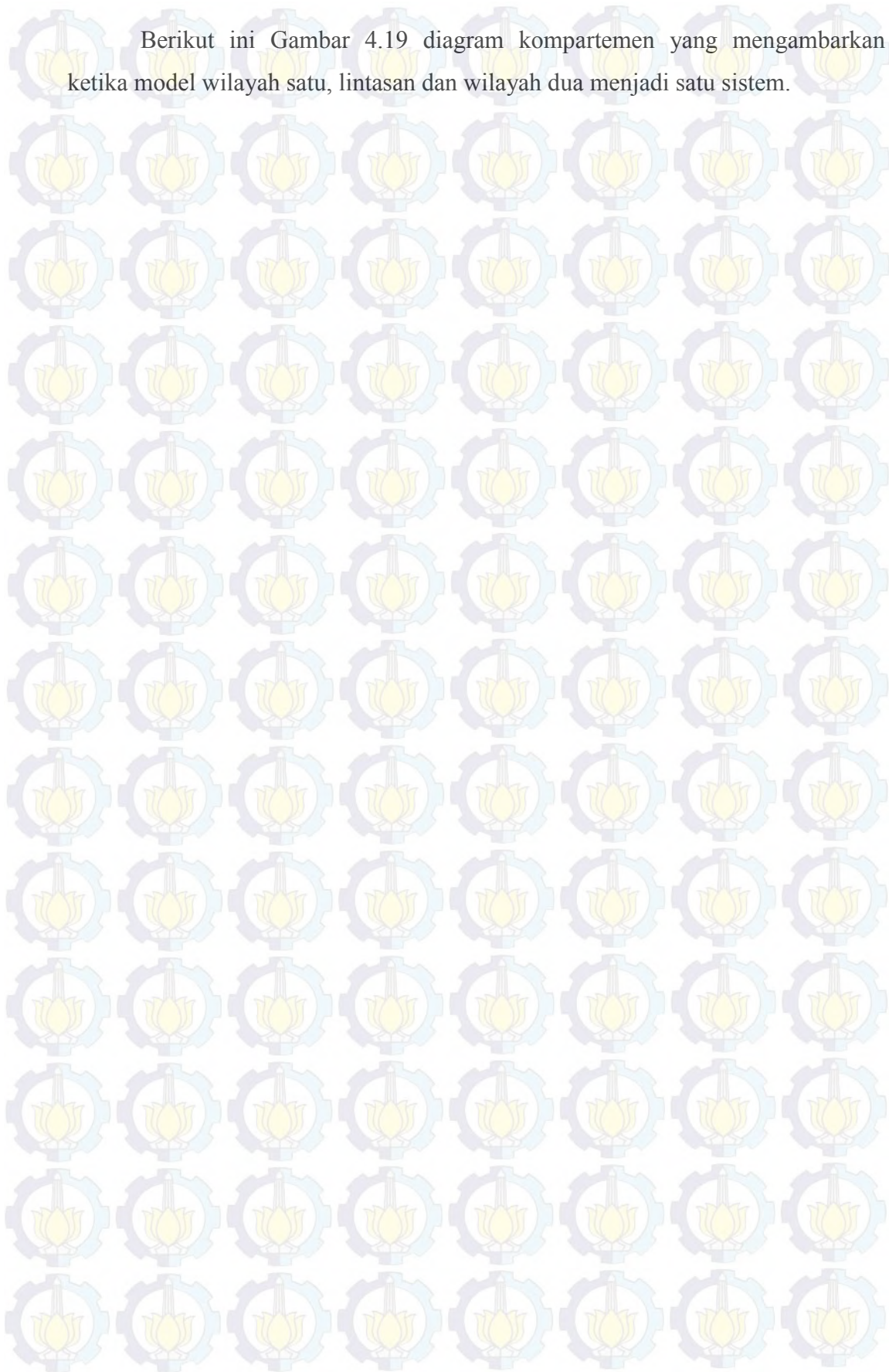
$$k_2(t) = \left| ((r_{12})_2)_{maks} - ((d_{12})_2 + (1 - (u_{12})_2))_{min} \right|$$

$$k_3(t) = \left| ((r_{21})_1)_{maks} - ((d_{21})_1 + (1 - (u_{21})_1))_{min} \right|$$

$$k_4(t) = \left| ((r_{21})_2)_{maks} - ((d_{21})_2 + (1 - (u_{21})_2))_{min} \right|$$



Berikut ini Gambar 4.19 diagram kompartemen yang menggambarkan ketika model wilayah satu, lintasan dan wilayah dua menjadi satu sistem.



#### 4.4 Simulasi dan Analisis

Simulasi dilakukan hanya untuk menunjukkan jika terjadi penyebaran dua wilayah yang melalui dua lintasan, sehingga dapat mempermudah menganalisa sistem dan mengetahui aliran virus berdasarkan bilangan reproduksi dasar yang telah didapatkan. Selain itu untuk mengetahui keadaan lintasan ketika  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$  di wilayah dua dan  $\mathcal{R}_{0_1} > 1$  di wilayah satu, ketika  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$  di wilayah dua dan  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$  di wilayah satu, ketika  $\mathcal{R}_{0_2} < 1$  di wilayah dua dan  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$  di wilayah satu. Nilai parameter yang digunakan pada wilayah satu untuk penyakit influenza kususnya SARS merujuk pada (Julien Arino dkk,2005). Penyelesaian numerik yang digunakan pada simulasi adalah metode runge-kutta orde 4. Pada Simulasi parameter yang diamati dan dirubah-ubah adalah parameter  $\gamma_i, \beta_i, \varphi_i$  sedangkan parameter yang lain tetap. Pengambilan waktu 3000 hari pada simulasi berdasarkan keadaan dimana sistem stabil bebas penyakit yaitu ketika laju subpopulasi menuju titik setimbang bebas penyakit.

##### 4.4.1 Simulasi Numerik Ketika Wilayah Satu Dan Wilayah Dua Dalam Keadaan Endemik

Suatu kondisi wilayah dalam keadaan endemik jika  $\mathcal{R}_0 > 1$ , yang artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan menyebar pada populasi (Driessche & Wetmough,2002).

Tabel 4.1 Nilai parameter pada wilayah satu dan dua

Parameter	wilayah satu	Parameter	wilayah dua
$\Lambda_1$	1	$\Lambda_2$	1
$d_1$	0.013	$d_2$	0.014
$\mu_1$	1	$\mu_2$	1
$\beta_1$	0.5076	$\beta_2$	0.99
$\gamma_1$	0.85	$\gamma_2$	0.99
$\varphi_1$	0.4	$\varphi_2$	0.003
$\sigma_1$	0.04	$b_2$	0.05
$\sigma_2$	0.03	$\sigma_4$	0.01
$\sigma_3$	0.02	$\sigma_5$	0.07
$b_1$	0.03	$\sigma_6$	0.01



Tabel 4.2 Nilai awal dari masing-masing subpopulasi pada wilayah satu dan dua

Subpopulasi pada $t = 0$	wilayah satu $i = 1$	wilayah dua $i = 2$
$S_i$	1.3	1.5
$E_i$	1.2	1.3
$I_i$	1.25	1.35
$R_i$	1	1.2

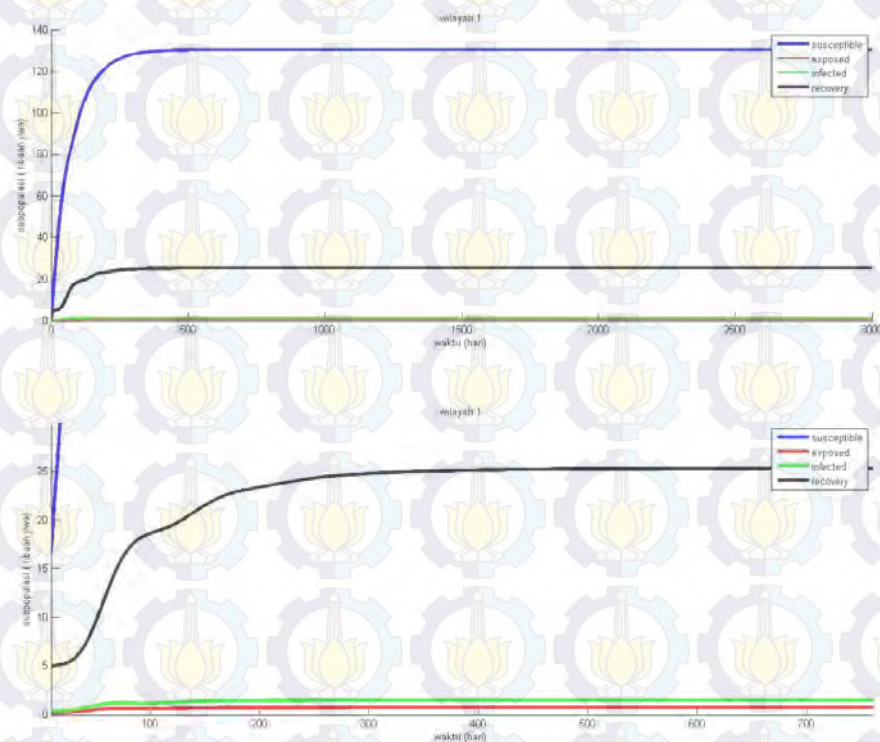
Tabel 4.3 Nilai parameter pada lintasan

Parameter	Nilai	Parameter	Nilai
$(d_{12})_1$	0.013	$(d_{21})_1$	0.014
$(d_{12})_2$	0.013	$(d_{21})_2$	0.014
$(\gamma_{12})_1$	0.85	$(\gamma_{21})_1$	0.99
$(\gamma_{12})_2$	0.85	$(\gamma_{21})_2$	0.99
$\beta_1$	0.5076	$\beta_2$	0.99
$\mu_1$	1	$\mu_2$	1
$(\varphi_{12})_1$	0.4	$(\varphi_{21})_1$	0.003
$(\varphi_{12})_2$	0.4	$(\varphi_{21})_2$	0.003
$(b_{12})_{12}$	0.01	$(b_{21})_{12}$	0.02
$(b_{12})_{21}$	0.02	$(b_{21})_{21}$	0.03

Tabel 4.4 Nilai awal dari masing-masing subpopulasi pada lintasan

Subpopulasi pada $t = 0$	Nilai awal	Subpopulasi pada $t = 0$	Nilai awal
$(S_{12})_1$	1.3	$(S_{21})_1$	1.5
$(S_{12})_2$	1.3	$(S_{21})_2$	1.5
$(E_{12})_1$	1.2	$(E_{21})_1$	1.3
$(E_{12})_2$	1.2	$(E_{21})_2$	1.3
$(I_{12})_1$	1.25	$(I_{21})_1$	1.35
$(I_{12})_2$	1.25	$(I_{21})_2$	1.35
$(R_{12})_1$	1	$(R_{21})_1$	1.2
$(R_{12})_2$	1	$(R_{21})_2$	1.2

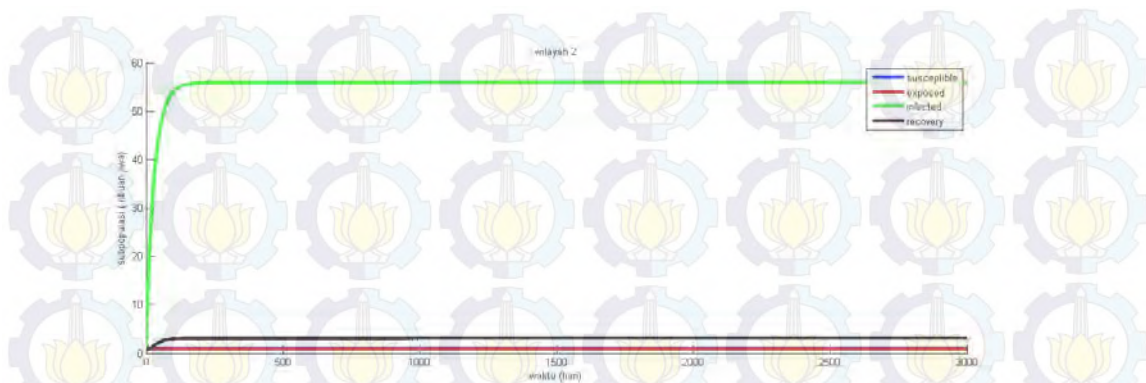
Berikut ini gambar simulasi ketika wilayah satu dan wilayah dua dalam keadaan endemik.



Gambar 4.20 Perubahan subpopulasi pada wilayah satu untuk  $\mathcal{R}_{0_1} = 1,2105 > 1$

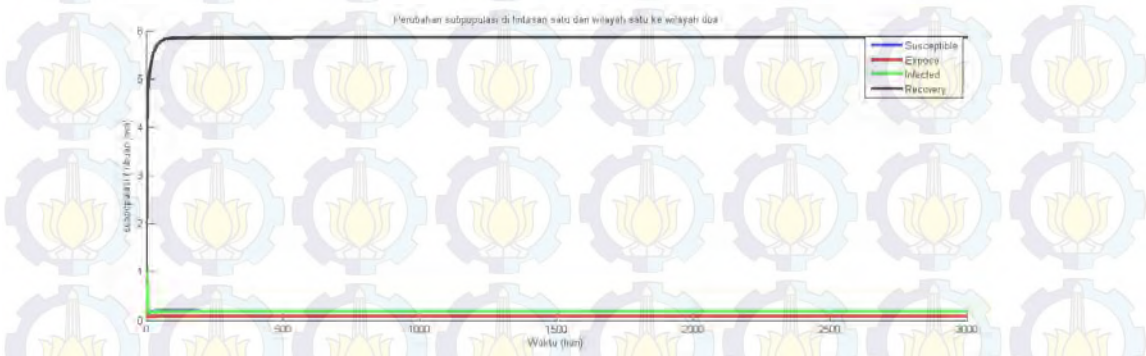
Dari Gambar 4.20 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 1155 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 130.263 jiwa. Sedangkan subpopulasi *infected* pada hari ke 863 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 1.453 jiwa. Pada hari ke 672 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 706 jiwa. Pada hari ke 1200 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 25.267 jiwa. Meskipun subpopulasi *susceptible* meningkat, namun masih terdapat subpopulasi *infected*. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah satu dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_1} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.





Gambar 4.21 Perubahan subpopulasi pada wilayah dua untuk  $\mathcal{R}_{0_2} = 58.59 > 1$

Dari Gambar 4.21 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 210 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 1.040 jiwa. Pada hari ke 292 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 3.103 jiwa. Pada hari ke 23 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 959 jiwa. Subpopulasi *infected* terus meningkat, pada hari ke 3000 subpopulasi *infected* mencapai 55.857 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah dua dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



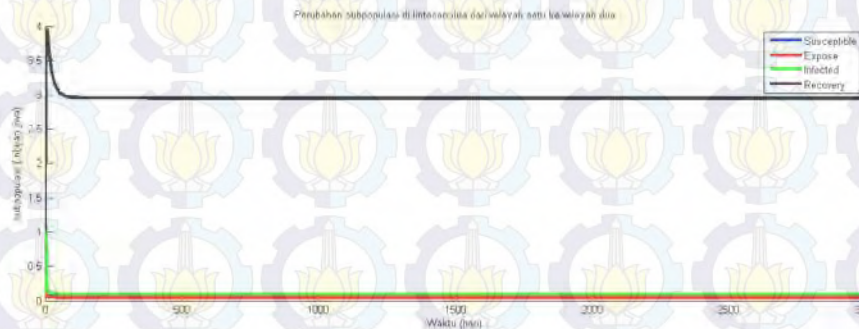
Gambar 4.22 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah satu ke wilayah

$$\text{dua } \mathcal{R}_{0_3} = 58,63 > 1$$

Dari Gambar 4.22 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 904 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 186 jiwa. Pada hari ke 239 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 92 jiwa, sedangkan subpopulasi *infected* dan *recovery* terus meningkat. Pada hari ke 455 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* mencapai 189 jiwa. Pada hari ke 471 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* mencapai 5.863 jiwa.

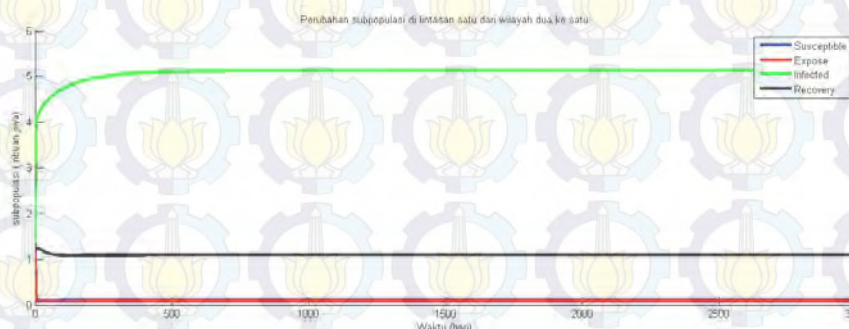


Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.23 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah satu ke wilayah dua  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,63 > 1$

Dari Gambar 4.23 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 542 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 73 jiwa. Pada hari ke 308 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 47 jiwa. Pada hari ke 396 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* mencapai 96 jiwa. Pada hari ke 706 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* mencapai 2.950 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dua dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.

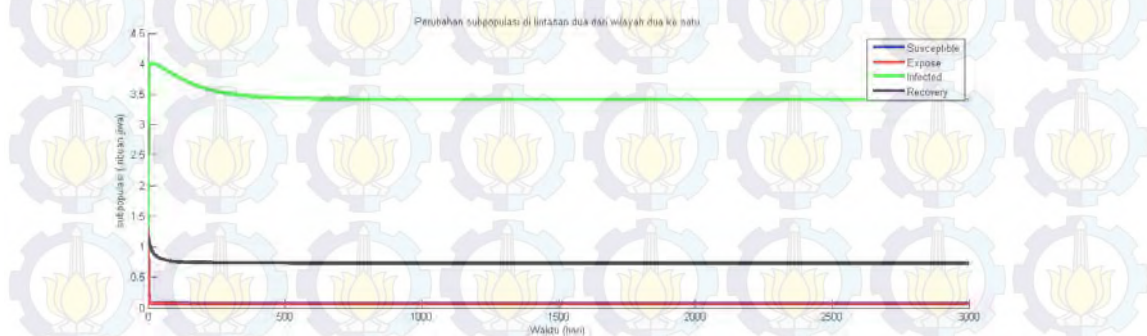


Gambar 4.24 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,63 > 1$

Dari Gambar 4.24 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 777 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible*



menjadi 107 jiwa. Pada hari ke 603 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 88 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *infected* mengalami peningkatan mulai hari pertama hingga ke hari 3000. Pada hari ke 933 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 5.129 jiwa. Pada hari ke 867 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* mencapai 1.098 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.25 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,63 > 1$

Dari Gambar 4.25 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 756 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 72 jiwa. Pada hari ke 745 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 58 jiwa. Pada hari ke 780 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* mencapai 3.415 jiwa. Pada hari ke 779 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 732 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dua dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.

Pada Gambar 4.20 sampai 4.25 terlihat bahwa infeksi virus terjadi pada lintasan, wilayah satu dan wilayah dua. Hasil simulasi tersebut sesuai dengan  $\mathcal{R}_0$  yang didapatkan pada masing-masing model.  $\mathcal{R}_{0_3} > \mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1} > 1$  artinya penyebaran virus di lintasan paling tinggi. Hal ini dikarenakan individu di lintasan berasal dari wilayah satu dan dua. Sedangkan wilayah satu dan dua dalam keadaan endemik. Individu *exposed* dari wilayah satu dan dua mengalami perubahan status

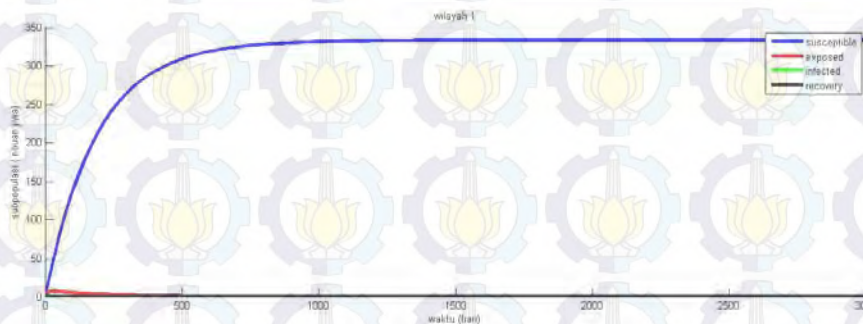


menjadi individu *infected* saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat bertemu di lintasan.

$\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_1}$  artinya penyebaran virus di wilayah dua lebih tinggi daripada di wilayah satu. Hal ini dikarenakan *rate* transmisi virus di wilayah dua ( $\beta_2$ ) lebih besar daripada *rate* transmisi virus di wilayah satu ( $\beta_1$ ). Penyebaran virus di wilayah satu tidak hanya disebabkan oleh individu *infected* dari wilayah satu, tetapi juga dapat disebabkan oleh individu *exposed* yang melakukan *travelling* dari wilayah dua yang berubah status menjadi individu *infected* di wilayah satu.

#### 4.4.2 Simulasi Numerik Ketika Wilayah Satu Bebas Penyakit Dan Wilayah Dua Endemik

Suatu kondisi wilayah dalam keadaan endemik jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan menyebar pada populasi. Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan bersih dari populasi (Driessche & Wetmough, 2002). Nilai parameter yang digunakan diberikan pada Tabel 4.1 sampai 4.6 dengan memperkecil parameter pada wilayah satu  $\beta_1 = 0,4761$ ,  $\gamma_1 = 0,0009$ ,  $\phi_1 = 0.025$ . Hal ini bertujuan untuk menjadikan wilayah satu bebas penyakit.

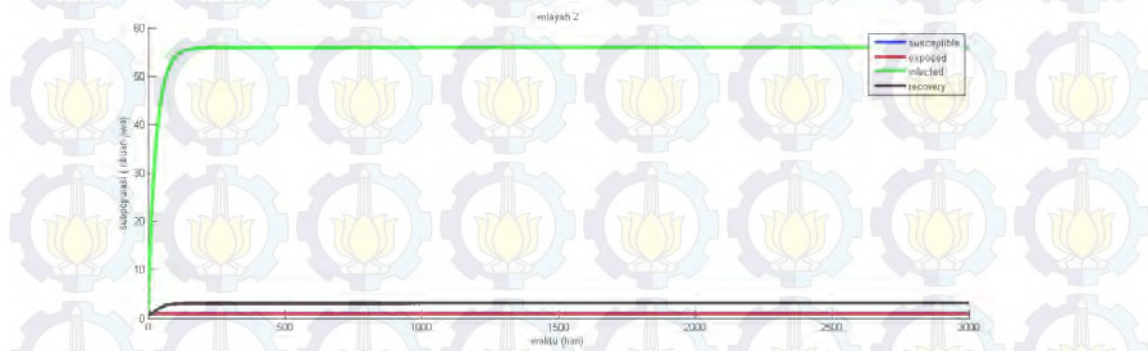


Gambar 4.26 Perubahan subpopulasi pada wilayah satu untuk  $\mathcal{R}_{0_1} = 0,8112 < 1$

Dari Gambar 4.26 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Jumlah subpopulasi *susceptible* lebih banyak saat dalam keadaan bebas penyakit daripada saat keadaan endemik seperti yang ditunjukkan oleh Gambar 4.19. Pada hari ke 2885 sampai ke 3000 menjadi 333.333 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami

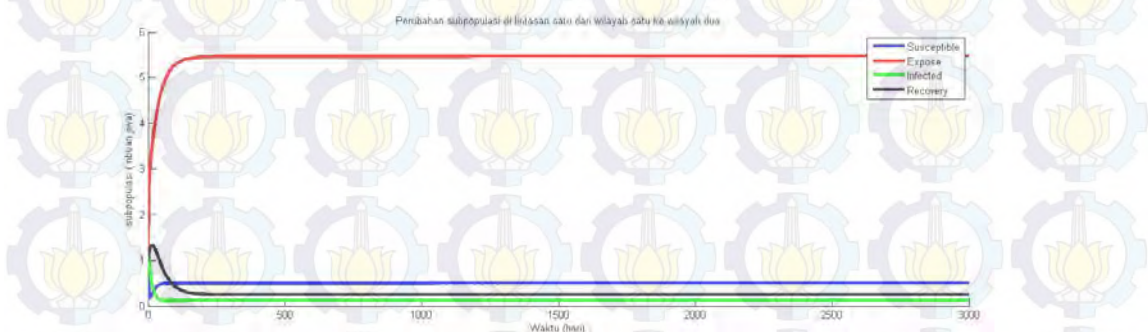


penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah satu dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.27 Perubahan subpopulasi pada wilayah dua untuk  $\mathcal{R}_{0_2} = 58.59 > 1$

Dari Gambar 4.27 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* menurun mulai hari pertama. Pada hari ke 210 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 1.040 jiwa. Pada hari ke 292 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 3.103 jiwa. Pada hari ke 23 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 959 jiwa. Subpopulasi *infected* terus meningkat, pada hari ke 3000 subpopulasi *infected* mencapai 55.857 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah dua dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_2} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.

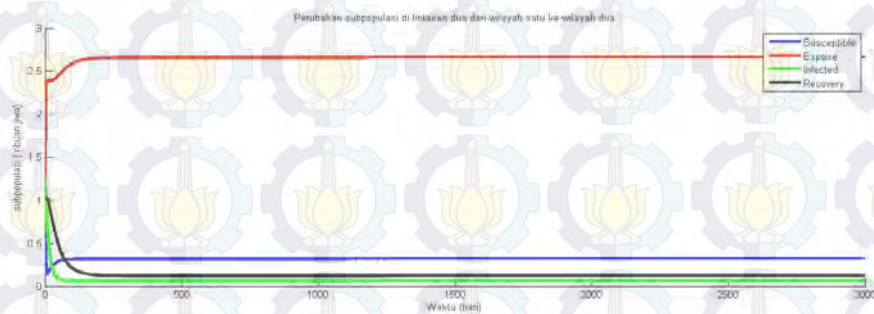


Gambar 4.28 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua dengan  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$

Dari Gambar 4.28 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 294 sampai hari ke 3000 jumlah subpopulasi

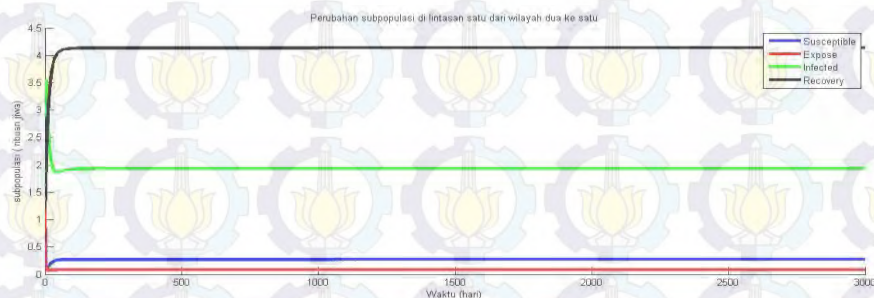


*susceptible* menjadi 498 jiwa. Pada hari ke 441 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 5.459 jiwa. Pada hari ke 205 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 129 jiwa. Pada hari ke 399 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 247 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.29 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah satu ke wilayah dua dengan  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$

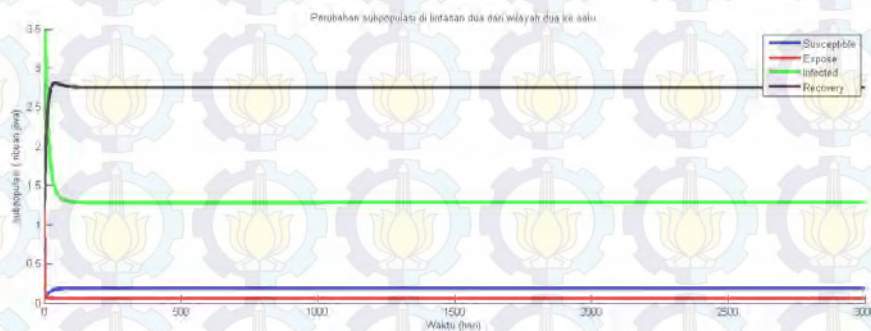
Dari Gambar 4.29 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 252 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 318 jiwa. Pada hari ke 371 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 2.661 jiwa. Pada hari ke 231 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 63 jiwa. Pada hari ke 203 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 122 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.30 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$



Dari Gambar 4.30 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 186 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 271 jiwa. Pada hari ke 180 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 86 jiwa. Pada hari ke 217 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 1.931 jiwa. Pada hari ke 241 sampai hari ke 800 subpopulasi *Recovery* menjadi 4.134 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.31. perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 58,23 > 1$

Dari Gambar 4.31 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 189 sampai hari ke 3000 subpopulasi *susceptible* menjadi 183 jiwa. Pada hari ke 139 sampai hari ke 3000 subpopulasi *exposed* menjadi 57 jiwa. Pada hari ke 214 sampai hari ke 3000 subpopulasi *infected* menjadi 1.282 jiwa. Pada hari ke 204 sampai hari ke 3000 subpopulasi *recovery* menjadi 2.753 jiwa. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dua dalam keadaan endemik. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} > 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru.

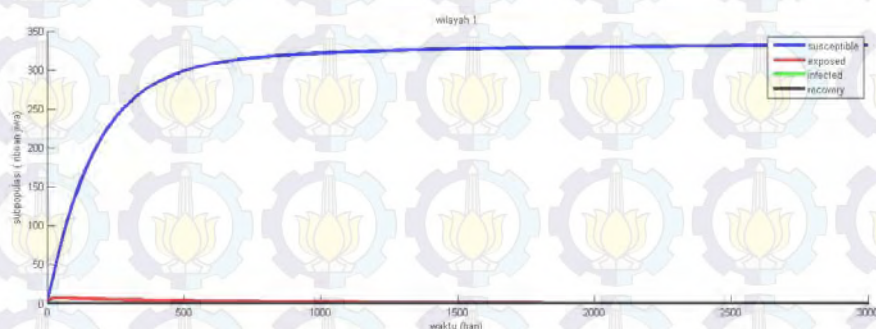
Pada Gambar 4.26 sampai 4.31 terlihat bahwa pada lintasan dan wilayah dua terjadi infeksi virus, sedangkan pada wilayah satu tidak terjadi infeksi virus. Hasil simulasi tersebut sesuai dengan  $\mathcal{R}_0$  yang didapatkan pada masing-masing model.  $\mathcal{R}_{0_2} > \mathcal{R}_{0_3} > 1$  dan  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$  artinya sumber penyebaran virus di lintasan adalah individu *infected* dari wilayah dua. Individu *infected* ini merupakan



individu *exposed* yang berubah status menjadi Individu *infected* setelah melewati masa inkubasinya saat di lintasan. Individu tersebut dapat menularkan virus kepada individu lain saat di lintasan.

#### 4.4.3 Simulasi Numerik Ketika Wilayah Satu Bebas Penyakit Dan Wilayah Dua Bebas Penyakit

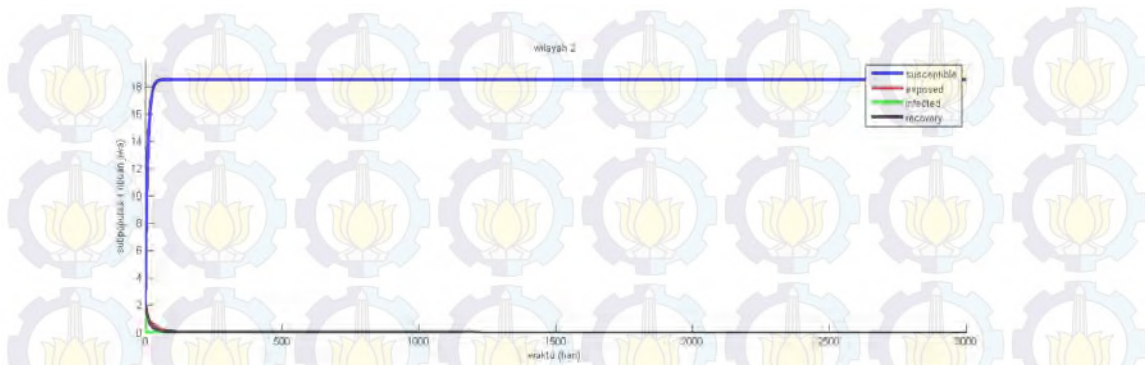
Suatu kondisi wilayah dalam keadaan endemik jika  $\mathcal{R}_0 > 1$  artinya individu yang terinfeksi memproduksi lebih dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan menyebar pada populasi. Jika  $\mathcal{R}_0 < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru, dengan kata lain dapat diprediksi bahwa infeksi akan bersih dari populasi (Driessche & Wetmough, 2002). Nilai parameter yang digunakan diberikan pada Tabel 4.1 sampai 4.6 dengan memperkecil parameter pada wilayah dua  $\beta_2 = 0,002$ ,  $\gamma_2 = 0,02$ , dan memperbesar  $\phi_2 = 0.99$ . Hal ini bertujuan untuk menjadikan wilayah dua bebas penyakit.



Gambar 4.32 Perubahan subpopulasi pada wilayah satu untuk  $\mathcal{R}_{0_1} = 0,8112 < 1$

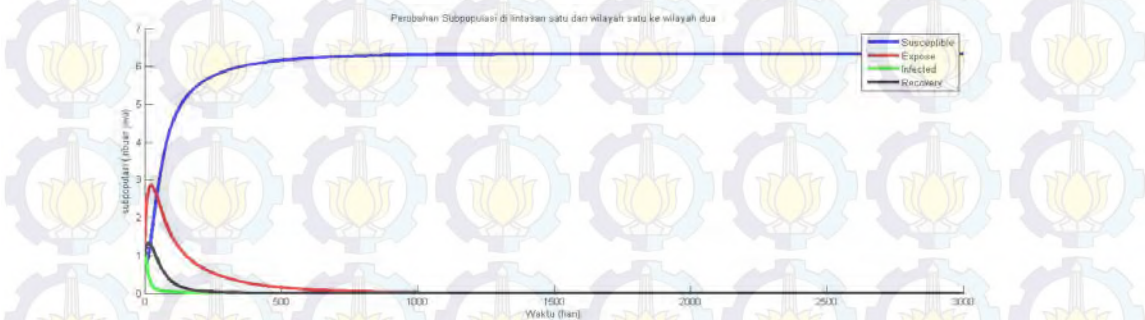
Dari Gambar 4.32 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Jumlah subpopulasi *susceptible* lebih banyak saat dalam keadaan bebas penyakit daripada saat keadaan endemik seperti yang ditunjukkan oleh Gambar 4.20. Pada hari ke 2885 sampai ke 3000 menjadi 333.333 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah satu dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_1} < 1$ , artinya individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru.





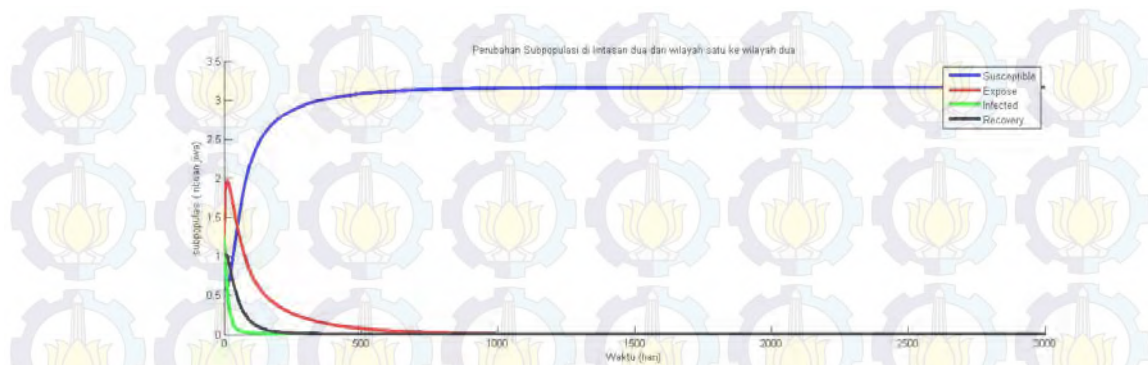
Gambar 4.33 Perubahan subpopulasi pada wilayah dua untuk  $\mathcal{R}_{0_2} = 0,0028 < 1$

Dari Gambar 4.33 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 126 sampai ke 3000 menjadi 18.518 jiwa sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa wilayah dua dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_2} < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru.



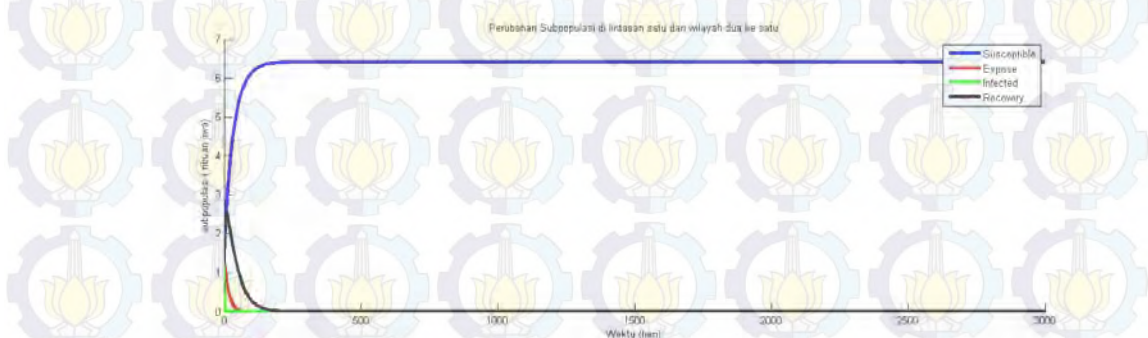
Gambar 4.34 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah satu ke wilayah dua dengan  $\mathcal{R}_{0_3} = 0,812 < 1$

Dari Gambar 4.34 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 2008 sampai ke 3000 menjadi 6.333 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi baru.



Gambar 4.35 Perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah satu ke wilayah dua dengan  $\mathcal{R}_{0_3} = 0.812 < 1$

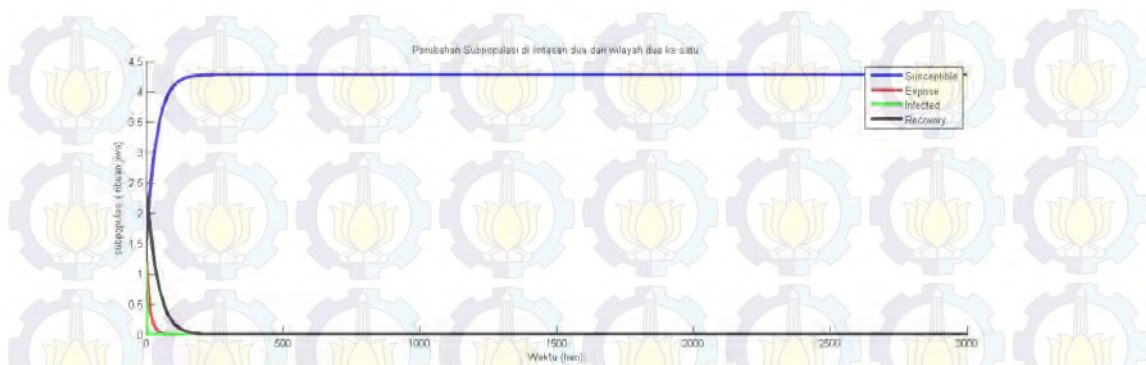
Dari Gambar 4.35 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 2133 sampai hari ke 3000 menjadi 3.166 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dua dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi.



Gambar 4.36 Perubahan subpopulasi dilintasan satu dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 0.812 < 1$

Dari Gambar 4.36 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 1103 sampai hari ke 3000 menjadi 6.420 jiwa, sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan satu dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi.





Gambar 4.37. perubahan subpopulasi dilintasan dua dari wilayah dua ke wilayah satu  $\mathcal{R}_{0_3} = 0.812 < 1$

Dari Gambar 4.37 terlihat bahwa subpopulasi *susceptible* meningkat mulai hari pertama. Pada hari ke 988 sampai hari ke 3000 menjadi 4.280 jiwa. sedangkan jumlah subpopulasi *exposed*, *infected*, dan *recovery* mengalami penurunan mulai hari pertama hingga menjadi nol. Keadaan ini menunjukkan bahwa lintasan dua dalam keadaan bebas penyakit. Hal tersebut sesuai dengan perhitungan yang menunjukkan  $\mathcal{R}_{0_3} < 1$ , artinya setiap individu yang terinfeksi memproduksi kurang dari satu individu terinfeksi.

Pada Gambar 4.32 sampai 4.37 terlihat bahwa pada wilayah satu, lintasan dan wilayah dua tidak terjadi infeksi virus. Hasil simulasi tersebut sesuai dengan  $\mathcal{R}_0$  yang didapatkan pada masing-masing model.  $\mathcal{R}_{0_2} < \mathcal{R}_{0_1} < \mathcal{R}_{0_3} < 1$  artinya tidak terjadi infeksi virus di wilayah satu, dua dan lintasan. Lintasan dalam keadaan bebas penyakit karena individu dari wilayah satu dan wilayah dua dalam keadaan bebas penyakit. Keadaan bebas penyakit bukan berarti tidak ada virus dalam suatu wilayah, melainkan suatu wilayah tersebut masih terdapat virus. Namun virus tersebut tidak sampai menginfeksi manusia. Berdasarkan  $\mathcal{R}_0$  yang diperoleh dapat disimpulkan bahwa virus di lintasan paling banyak daripada di wilayah satu dan di wilayah dua.



## DAFTAR PUSTAKA

- Abdul. R., (1974). Pengertian dan ciri-ciri virus. Artikel ini didapat dari: [http://www.akademia.edu/5420629/pengertian\\_epidemiologi](http://www.akademia.edu/5420629/pengertian_epidemiologi).
- Alan, E., Hariyanto, Mardijah. (2015). Analisis Sistem Dinamik Model Epidemi Tipe SITRS Antar Dua Wilayah.
- Alligood, K. T., Sauer, T. D., & Yorke, J. A. (2000). *CHAOS: An Introduction to Dynamical Systems*. New York: Springer-Verlag New York Inc.
- Arino, J., & Driessche, P. v. (2003). A Multi-City Epidemic Model. *Mathematical Population Studies*, 10(3): 175-193.
- Arino, J., Davis, J. R., Hartley, D., Jordan, R., & Driessche, P. v. (2005). A Multi-Species Epidemic Model With Spatial Dynamics. *Mathematical Medicine and Biology*, 22, 129-142.
- Artikelsiana. (2015). Pengertian dan ciri-ciri virus. Artikel ini didapat dari: <http://www.artikelsiana.com/2015/01/pengertian-virus-ciri-ciri-virus-definisi>.
- Berman, A. & Plemmons, R. J. (1979). *Nonnegative Matrices in the Mathematica Sciences*. New York: Academic Press.
- Boyce, W. E., & DiPrima, R. C. (2009), *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*, 9<sup>th</sup> edition, John Willey & Sons, Inc, United State of America.
- Burden, Richard L., & Wetmough, J. (2011). *Numerical Analysis*. USA: Brooks/Cole Cengage Learning.
- Clancy & Oneils. (2008). Bilangan Reproduksi Dasar. Artikel ini didapat dari: <http://www.google.com/>
- Driessche, P. v., & Wetmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, 180, 29-48.
- Edwards, C. H., & Penney, D. E. (2008). *Differential Equations and Linear Algebra* (Sixth ed.). New Jersey: Prentice-Hall.



Gunawan. E., (2015). Masa inkubasi pada virus. Artikel ini didapat dari: <http://www.sidode.com/2015/03/gejala-pencegahan-pengobatan-flu-burung>.

Hariyanto, Widodo, B., Nyoman, I. (2013). The Construction of a Model of Pre-Coalition between H1N1-p and H5N1 Influenza Virus in Indonesia. *Mathematical Sciences*, Vol 7, 4899-4907.

Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev.*, 42, 599-653

Kumar, B., & Srivastaya, J. (2013). Mathematical model on pulmonary and multi-drug resistant tuberculosis patients with vaccination. *Egyptian Mathematical Society*, 22, 311-316.

## LAMPIRAN

Lampiran 1 *Source code* program model pada wilayah satu

Modelwilayah1.m	
1	clear;
2	h=2;
3	S1(1)= 1.3;
4	E1(1)= 1.2;
5	I1(1)= 1.25;
6	R1(1)= 1;
7	alfa1=1;
8	d1=0.013;
9	beta1=0.5076;
10	miu1=1;
11	b1=0.03;
12	sigma1=0.04;
13	sigma2=0.03;
14	sigma3=0.02;
15	gamma1=0.85;
16	omega1=0.4;
17	
18	%% fungsi
19	clc;
20	t=input('Masukkan waktu t = ');
21	for c=1:t
22	S1t=S1(c);
23	E1t=E1(c);
24	I1t=I1(c);
25	R1t=R1(c);
26	
27	for i=1:4
28	S11= (alfa1)-(d1*S1t)-
29	((beta1*miu1*S1t*I1t)/(S1t+E1t+I1t+R1t))-
30	(b1*S1t)+(sigma1*S1t);
31	E11=((beta1*miu1*S1t*I1t)/(S1t+E1t+I1t+R1t))-
32	(d1*E1t)-(gamma1*E1t)-(b1*E1t)+(sigma2*E1t);
33	I11=(gamma1*E1t)-(d1*I1t)-(omega1*I1t);
34	R11=(omega1*I1t)-(d1*R1t)-(b1*R1t)+(sigma3*R1t);
35	
36	ks1(i)= h * S11;
37	ke1(i)= h * E11;
38	ki1(i)= h * I11;
39	kr1(i)= h * R11;
40	
41	if i<=2
42	S1t=S1(c) + (ks1(i)/2);
43	E1t=E1(c) + (ke1(i)/2);
44	I1t=I1(c) + (ki1(i)/2);
45	R1t=R1(c) + (kr1(i)/2);
46	else
47	if i~=4
48	S1t=S1(c) + ks1(i);
49	E1t=E1(c) + ke1(i);
50	I1t=I1(c) + ki1(i);



```

51         R1t=R1(c) + kr1(i);
52     else break;
53     end
54 end
55 end
56 if c<t
57     S1(c+1)=S1(c) + ((ks1(1) + (2*ks1(2)) +
58 (2*ks1(3))+ ks1(4))/6)
59     E1(c+1)=E1(c) + ((ke1(1) + (2*ke1(2)) +
60 (2*ke1(3))+ ke1(4))/6)
61     I1(c+1)=I1(c) + ((ki1(1) + (2*ki1(2)) +
62 (2*ki1(3))+ ki1(4))/6)
63     R1(c+1)=R1(c) + ((kr1(1) + (2*kr1(2)) +
64 (2*kr1(3))+ kr1(4))/6)
65 end
66 fprintf('Nilai ks1 yaitu %f \n',ks1)
67 end
68
69 x=linspace(0,t,t);
70 plot(x,S1,'b',x,E1,'r',x,I1,'g',x,R1,'k');
71 xlabel('waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
72 jiwa)');
73 legend('susceptible','exposed','infected','recovery');
74 grid on
75 title('wilayah 1');

```

Lampiran 2 *Source code* program model pada wilayah dua

Modelwilayah2.m	
1	clear;
2	h=2;
3	S2(1)= 1.5;
4	E2(1)= 1.3;
5	I2(1)= 1.35;
6	R2(1)= 1.2;
7	alfa2=1;
8	d2=0.014;
9	beta2=0.99;
10	miu2=1;
11	sigma4=0.01;
12	b2=0.05;
13	sigma5=0.07;
14	sigma6=0.01;
15	gamma2=0.99;
16	omega2=0.003;
17	%% fungsi
18	clc;
19	t=input('Masukkan waktu t = ');
20	for c=1:t
21	S2t=S2(c);
22	E2t=E2(c);
23	I2t=I2(c);
24	R2t=R2(c);

```

25
26     for i=1:4
27         S21= (alfa2)-(d2*S2t)-
28         ((beta2*miu2*S2t*I2t)/(S2t+E2t+I2t+R2t))-
29         (b2*S2t)+(sigma4*S2t);
30         E21=((beta2*miu2*S2t*I2t)/(S2t+E2t+I2t+R2t))-
31         (d2*E2t)-(gamma2*E2t)-(b2*E2t)+(sigma5*E2t);
32         I21=(gamma2*E2t)-(d2*I2t)-(omega2*I2t);
33         R21=(omega2*I2t)-(d2*R2t)-(b2*R2t)+(sigma6*R2t);
34
35         ks2(i)= h * S21;
36         ke2(i)= h * E21;
37         ki2(i)= h * I21;
38         kr2(i)= h * R21;
39         if i<=2
40             S2t=S2(c) + (ks2(i)/2);
41             E2t=E2(c) + (ke2(i)/2);
42             I2t=I2(c) + (ki2(i)/2);
43             R2t=R2(c) + (kr2(i)/2);
44         else
45             if i~=4
46                 S2t=S2(c) + ks2(i);
47                 E2t=E2(c) + ke2(i);
48                 I2t=I2(c) + ki2(i);
49                 R2t=R2(c) + kr2(i);
50             else break;
51         end
52     end
53 end
54 if c<t
55     S2(c+1)=S2(c) + ((ks2(1) + (2*ks2(2)) +
56     (2*ks2(3))+ ks2(4))/6)
57     E2(c+1)=E2(c) + ((ke2(1) + (2*ke2(2)) +
58     (2*ke2(3))+ ke2(4))/6)
59     I2(c+1)=I2(c) + ((ki2(1) + (2*ki2(2)) +
60     (2*ki2(3))+ ki2(4))/6)
61     R2(c+1)=R2(c) + ((kr2(1) + (2*kr2(2)) +
62     (2*kr2(3))+ kr2(4))/6)
63 end
64 end
65
66 x=linspace(0,t,t);
67 plot(x,S2,'b',x,E2,'r',x,I2,'g', x,R2,'k');
68 xlabel('waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
69 jiwa)');
70 legend('susceptible','exposed','infected','recovery');
71 grid on
72 title('wilayah 2');
73

```

Lampiran 3 *Source code* program model pada lintasan

lintasan.m	
1	clear;



```

2   h=2;
3   S121(1)= 1.3;
4   S122(1)= 1.3;
5   S211(1)= 1.5;
6   S212(1)= 1.5;
7   E121(1)= 1.2;
8   E122(1)= 1.2;
9   E211(1)= 1.3;
10  E212(1)= 1.3;
11  I121(1)= 1.25;
12  I122(1)= 1.25;
13  I211(1)= 1.35;
14  I212(1)= 1.35;
15  R121(1)= 1;
16  R122(1)= 1;
17  R211(1)= 1.2;
18  R212(1)= 1.2;
19  d121=0.013;
20  d122=0.013;
21  d211=0.014;
22  d212=0.014;
23  b1212=0.01;
24  b1221=0.02;
25  b2112=0.02;
26  b2121=0.03;
27  beta1=0.5076;
28  beta2=0.99;
29  miu1=1;
30  miu2=1;
31  gamma121=0.85;
32  gamma122=0.85;
33  gamma211=0.99;
34  gamma212=0.99;
35  omega121=0.4;
36  omega122=0.4;
37  omega211=0.003;
38  omega212=0.003;
39
40  %% fungsi
41  clc;
42  t=input('Masukkan waktu t = ');
43  for c=1:t
44  S121t=S121(c);
45  S122t=S122(c);
46  S211t=S211(c);
47  S212t=S212(c);
48  E121t=E121(c);
49  E122t=E122(c);
50  E211t=E211(c);
51  E212t=E212(c);
52  I121t=I121(c);
53  I122t=I122(c);
54  I211t=I211(c);
55  I212t=I212(c);
56  R121t=R121(c);
57  R122t=R122(c);
58  R211t=R211(c);

```

```

59 R212t=R212(c);
60
61     for i=1:4
62         S121t=(d121*(S121t + E121t + I121t + R121t ))-
63         (d121*S121t)-(beta1*miu1*S121t *I121t /(S121t + E121t +
64         I121t + R121t ))-(beta1*miu1*S121t*I211t/(S121t + E121t +
65         I121t + R121t ))+(b1221*S122t)-(b1212*S121t);
66         S122t=(d122*(S122t + E122t + I122t + R122t ))-
67         (d122*S122t)-(beta1*miu1*S122t *I122t /(S122t + E122t +
68         I122t + R122t ))-(beta1*miu1*S122t*I212t/(S122t + E121t +
69         I122t + R122t ))+(b1212*S121t)-(b1221*S122t);
70         S211t=(d211*(S211t + E211t + I211t + R211t ))-
71         (d211*S211t)-(beta2*miu2*S211t *I211t /(S211t + E211t +
72         I211t + R211t ))-(beta2*miu2*S211t*I211t/(S211t + E211t +
73         I211t + R211t ))+(b2121*S212t)-(b2112*S211t);
74         S212t=(d212*(S212t + E212t + I212t + R212t ))-
75         (d212*S212t)-(beta2*miu2*S212t *I122t /(S212t + E212t +
76         I212t + R212t ))-(beta2*miu2*S212t*I212t/(S212t + E212t +
77         I212t + R212t ))+(b2112*S211t)-(b2121*S212t);
78         E121t=-(d121*E121t)+(beta1*miu1*S121t *I121t
79         /(S121t + E121t + I121t + R121t
80         ))+(beta1*miu1*S121t*I211t/(S121t + E121t + I121t + R121t
81         ))-(gamma121*E121t)+(b1221*E122t)-(b1212*E121t);
82         E122t=-(d122*E122t)+(beta1*miu1*S122t *I122t
83         /(S122t + E122t + I122t + R122t
84         ))+(beta1*miu1*S122t*I212t/(S122t + E121t + I122t + R122t
85         ))-(gamma122*E122t)+(b1212*E121t)-(b1221*E122t);
86         E211t=-(d211*E211t)+(beta2*miu2*S211t *I121t
87         /(S211t + E211t + I211t + R211t
88         ))+(beta2*miu2*S211t*I211t/(S211t + E211t + I211t + R211t
89         ))-(gamma211*E211t)+(b2121*E212t)-(b2112*E211t);
90         E212t=-(d212*E212t)+(beta2*miu2*S212t *I122t
91         /(S212t + E212t + I212t + R212t
92         ))+(beta2*miu2*S212t*I212t/(S212t + E212t + I212t + R212t
93         ))-(gamma212*E212t)+(b2112*E211t)-(b2121*E212t);
94         I121t=(gamma121*E121t)-(d121*I121t)-
95         (omega121*I121t);
96         I122t=(gamma122*E122t)-(d122*I122t)-
97         (omega122*I122t);
98         I211t=(gamma211*E211t)-(d211*I211t)-
99         (omega211*I211t);
100        I212t=(gamma212*E212t)-(d212*I212t)-
101        (omega212*I212t);
102        R121t=(omega121*I121t)-(d121*R121t)+(b1221*R122t)-
103        (b1212*R121t);
104        R122t=(omega122*I122t)-(d122*R122t)+(b1212*R121t)-
105        (b1221*R122t);
106        R211t=(omega211*I211t)-(d211*R211t)+(b2121*R212t)-
107        (b2112*R211t);
108        R212t=(omega212*I212t)-(d212*R212t)+(b2112*R211t)-
109        (b2121*R212t);
110        ks121(i)= h * S121t;
111        ks122(i)= h * S122t;
112        ks211(i)= h * S211t;
113        ks212(i)= h * S212t;
114        ke121(i)= h * E121t;
115        ke122(i)= h * E122t;

```



```

116     ke211(i)= h * E2111;
117     ke212(i)= h * E2121;
118     ki121(i)= h * I1211;
119     ki122(i)= h * I1221;
120     ki211(i)= h * I2111;
121     ki212(i)= h * I2121;
122     kr121(i)= h * R1211;
123     kr122(i)= h * R1221;
124     kr211(i)= h * R2111;
125     kr212(i)= h * R2121;
126
127     if i<=2
128         S121t=S121(c) + (ks121(i)/2);
129         S122t=S122(c) + (ks122(i)/2);
130         S211t=S211(c) + (ks211(i)/2);
131         S212t=S212(c) + (ks212(i)/2);
132         E121t=E121(c) + (ke121(i)/2);
133         E122t=E122(c) + (ke122(i)/2);
134         E211t=E211(c) + (ke211(i)/2);
135         E212t=E212(c) + (ke212(i)/2);
136         I121t=I121(c) + (ki121(i)/2);
137         I122t=I122(c) + (ki122(i)/2);
138         I211t=I211(c) + (ki211(i)/2);
139         I212t=I212(c) + (ki212(i)/2);
140         R121t=R121(c) + (kr121(i)/2);
141         R122t=R122(c) + (kr122(i)/2);
142         R211t=R211(c) + (kr211(i)/2);
143         R212t=R212(c) + (kr212(i)/2);
144
145     else
146         if i~=4
147             S121t=S121(c) + ks121(i);
148             S122t=S122(c) + ks122(i);
149             S211t=S211(c) + ks211(i);
150             S212t=S212(c) + ks212(i);
151             E121t=E121(c) + ke121(i);
152             E122t=E122(c) + ke122(i);
153             E211t=E211(c) + ke211(i);
154             E212t=E212(c) + ke212(i);
155             I121t=I121(c) + ki121(i);
156             I122t=I122(c) + ki122(i);
157             I211t=I211(c) + ki211(i);
158             I212t=I212(c) + ki212(i);
159             R121t=R121(c) + kr121(i);
160             R122t=R122(c) + kr122(i);
161             R211t=R211(c) + kr211(i);
162             R212t=R212(c) + kr212(i);
163
164         else break;
165     end
166 end
167
168 end
169 if c<t
170     S121(c+1)=S121(c) + ((ks121(1) + (2*ks121(2)) +
171 (2*ks121(3))+ ks121(4))/6)
172     S122(c+1)=S122(c) + ((ks122(1) + (2*ks122(2)) +
(2*ks122(3))+ ks122(4))/6)

```

```

173         S211(c+1)=S211(c) + ((ks211(1) + (2*ks211(2)) +
174 (2*ks211(3))+ ks211(4))/6)
175         S212(c+1)=S212(c) + ((ks212(1) + (2*ks212(2)) +
176 (2*ks212(3))+ ks212(4))/6)
177         E121(c+1)=E121(c) + ((ke121(1) + (2*ke121(2)) +
178 (2*ke121(3))+ ke121(4))/6)
179         E122(c+1)=E122(c) + ((ke122(1) + (2*ke122(2)) +
180 (2*ke122(3))+ ke122(4))/6)
181         E211(c+1)=E211(c) + ((ke211(1) + (2*ke211(2)) +
182 (2*ke211(3))+ ke211(4))/6)
183         E212(c+1)=E212(c) + ((ke212(1) + (2*ke212(2)) +
184 (2*ke212(3))+ ke212(4))/6)
185         I121(c+1)=I121(c) + ((ki121(1) + (2*ki121(2)) +
186 (2*ki121(3))+ ki121(4))/6)
187         I122(c+1)=I122(c) + ((ki122(1) + (2*ki122(2)) +
188 (2*ki122(3))+ ki122(4))/6)
189         I211(c+1)=I211(c) + ((ki211(1) + (2*ki211(2)) +
190 (2*ki211(3))+ ki211(4))/6)
191         I212(c+1)=I212(c) + ((ki212(1) + (2*ki212(2)) +
192 (2*ki212(3))+ ki212(4))/6)
193         R121(c+1)=R121(c) + ((kr121(1) + (2*kr121(2)) +
194 (2*kr121(3))+ kr121(4))/6)
195         R122(c+1)=R122(c) + ((kr122(1) + (2*kr122(2)) +
196 (2*kr122(3))+ kr122(4))/6)
197         R211(c+1)=R211(c) + ((kr211(1) + (2*kr211(2)) +
198 (2*kr211(3))+ kr211(4))/6)
199         R212(c+1)=R212(c) + ((kr212(1) + (2*kr212(2)) +
200 (2*kr212(3))+ kr212(4))/6)
201
202     end
203 end
204
205 x=linspace(0,t,t);
206 %
207 plot(x,S121,x,S122,x,S211,x,S212,x,E121,x,E122,x,E211,x,E2
208 12,x,I121,x,I122,x,I211,x,I212,x,R121,x,R122,x,R211,x,R212
209 );
210 figure(1)
211 plot(x,S121,'b',x,E121,'r',x,I121,'g',x,R121,'k')
212 xlabel('Waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
213 jiwa)')
214 legend('Susceptible','Expose','Infected','Recovery')
215 title('Perubahan subpopulasi di lintasan satu dari wilayah
216 satu ke wilayah dua')
217 grid on
218 figure(2)
219 plot(x,S122,'b',x,E122,'r',x,I122,'g',x,R122,'k')
220 xlabel('Waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
221 jiwa)')
222 legend('Susceptible','Expose','Infected','Recovery')
223 title('Perubahan subpopulasi di lintasan dua dari wilayah
224 satu ke wilayah dua')
225 grid on
226 figure(3)
227 plot(x,S211,'b',x,E211,'r',x,I211,'g',x,R211,'k')
228 xlabel('Waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
229 jiwa)')

```



```

230 legend('Susceptible','Expose','Infected','Recovery')
231 title('Perubahan subpopulasi di lintasan satu dari wilayah
232 dua ke satu')
233 grid on
234 figure(4)
235 plot(x,S212,'b',x,E212,'r',x,I212,'g',x,R212,'k')
236 xlabel('Waktu (hari)'), ylabel('subpopulasi (ribuan
237 jiwa)')
238 legend('Susceptible','Expose','Infected','Recovery')
239 title('Perubahan subpopulasi di lintasan dua dari wilayah
240 dua ke satu')
241 grid on
242

```

## BIODATA PENULIS



Penulis memiliki nama lengkap Nurlita Wulansari merupakan anak pertama dari dua bersaudara yang lahir di Lamongan, 18 September 1991. Penulis telah menempuh pendidikan formal mulai dari SDN Simomulyo IV/101 Surabaya, SMP Negeri 25 Surabaya, dan SMA Negeri 8 Surabaya. Setelah lulus dari SMA, penulis melanjutkan pendidikan S1 Jurusan Matematika di Institut Teknologi Sepuluh Nopember melalui jalur SNMPTN pada tahun 2010. Selama kuliah Penulis mengambil Bidang Minat Pemodelan dan Simulasi Sistem. Penulis lulus sarjana tujuh semester dengan mendapat gelar Sarjana Sains.

Penulis melanjutkan pendidikan S2 di Jurusan Matematika di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya melalui jalur beasiswa Fresh Graduate pada tahun 2014 dan mengambil Bidang Minat Pemodelan dan Simulasi Sistem. Untuk membentuk jaringan atau membutuhkan informasi yang berhubungan dengan tesis ini, penulis dapat dihubungi melalui email [nurlitawulansari9@gmail.com](mailto:nurlitawulansari9@gmail.com).